

MELHORAMENTO DA GOIABEIRA VIA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE  
IRMÃOS-COMPLETOS: PERSPECTIVAS DE GANHOS COM A  
SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS

**CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO– 2019

MELHORAMENTO DA GOIABEIRA VIA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE  
IRMÃOS-COMPLETOS: PERSPECTIVAS DE GANHOS COM A  
SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS

**CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA**

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

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO– 2019

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S725

Sousa, Carlos Misael Bezerra de.

MELHORAMENTO DA GOIABEIRA VIA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS : PERSPECTIVAS DE GANHOS COM A SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS / Carlos Misael Bezerra de Sousa. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

74 f.

Bibliografia: 55 - 62.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.

Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Qualidade do fruto. 2. Parâmetros genéticos. 3. Diversidade genética. 4. Correlações. 5. Índices de seleção. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

MELHORAMENTO DA GOIABEIRA VIA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE  
IRMÃOS-COMPLETOS: PERSPECTIVAS DE GANHOS COM A  
SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS

**CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA**

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

Aprovada em 28 de março de 2019

Comissão Examinadora:



---

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



---

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Genética e Melhoramento) - UENF

---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



---

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

## DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Carlos Alberto Morais de Sousa (*in memoriam*) e Suêrde Maria Sousa Bezerra, pelo amor, confiança e apoio incondicional em todas as etapas e à minha irmã Carlessa Bezerra de Sousa, pelo incentivo.

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente a Deus por me dar sempre força e proteção a mim e à minha família. Agradeço por todos os dias vividos durante esta etapa, e por todas as oportunidades que me foram possibilitadas por Ele.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela formação acadêmica.

À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj), pela concessão da bolsa de estudo e financiamento da pesquisa.

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

Ao meu orientador, Alexandre Pio Viana, pela oportunidade que me foi dada de fazer pesquisa e me aprimorar como profissional, pela paciência, lições aprendidas, sugestões e confiança depositada em mim todos os dias.

Aos professores, Willian Krause, Messias Gonzaga Pereira e Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelas sugestões, pelo aperfeiçoamento desta pesquisa e pela disponibilidade para compartilhar conhecimento.

Ao professor Geraldo de Amaral Gravina, pela tão importante amizade e disponibilidade sempre em ajudar e pelos ensinamentos durante o período do mestrado e doutorado.

Ao Sr. Geraldo, pela amizade, pela orientação nas atividades da cultura e por toda a ajuda disponibilizada no campo durante esses quatro anos. Ao bolsista Durval por toda a dedicação e disponibilidade na ajuda de campo.

Ao secretário Daniel, pela amizade, competência e disponibilidade em esclarecer toda e qualquer dúvida.

Ao Rodrigo Moreira, pela amizade, disponibilidade pra resolver qualquer dificuldade encontrada e pelo auxílio na pesquisa.

À minha amiga Rozanna Tavares Sales por toda ajuda, amizade e apoio em todos os momentos que precisei.

Aos amigos Flávia, Natan, Caio, Odimar, José Arantes, Yuri, Paulo Ricardo, Gessica, Sandra, Valquíria, Beatriz, Bruno, Lucas, Júnior, Daniele e Eileen. Obrigado por toda a ajuda, pelas confraternizações e por tantos momentos felizes.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVOS .....	5
2.1 . Objetivo Geral .....	5
2.2 . Objetivos Específicos .....	5
3. REVISÃO DE LITERATURA .....	6
3.1. Origem e aspectos gerais da cultura .....	6
3.2. Melhoramento genético da goiabeira .....	10
3.3. REML/BLUP .....	12
3.4. Divergência genética .....	15
3.5. Caracteres Correlacionados .....	17
3.6. Índices de seleção .....	19
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	21
4.1. População avaliada .....	21
4.2. Instalação e condução do experimento .....	23
4.3. Características avaliadas .....	23
4.4. Análise dos dados .....	24
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	27
5.1 Estimativas de parâmetros genéticos .....	27
5.2 Seleção dentro de famílias .....	32

5.3 Divergência entre Genitores e famílias.....	39
5.4 Divergência genética com base em caracteres morfoagronômicos .....	40
5.5 Análises de correlação e trilha.....	43
5.6 Seleção entre famílias .....	50
6. CONCLUSÕES .....	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55

## RESUMO

SOUSA, Carlos Misael Bezerra de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março de 2019; MELHORAMENTO DA GOIABEIRA VIA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS: PERSPECTIVAS DE GANHOS COM A SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Prof. Geraldo de Amaral Gravina.

A goiaba (*Psidium guajava* L.) é uma fruta apreciada mundialmente e o Brasil tem nos últimos anos aumentado sua produção e área plantada, além de ser um dos principais produtores da fruta no mundo. Contudo, um dos entraves para o aumento da produção de goiaba é a baixa disponibilidade de cultivares para utilização pelos produtores brasileiros, os quais contam com poucas opções de genótipos no momento da implantação da lavoura. Sendo assim, o maior desafio para os melhoristas, hoje, é a obtenção, desenvolvimento e lançamento comercial de novas cultivares com características físicas e químicas do fruto mais atraentes ao consumidor. Assim, os objetivos desta pesquisa foram: estimar os componentes de variância, herdabilidade individual, acurácia seletiva de progênes e a média geral das populações via metodologia REML/BLUP a fim de selecionar os melhores indivíduos dentro de progênes; entre os indivíduos selecionados, realizar uma análise comparativa entre os indivíduos e os respectivos genitores baseada na massa média dos frutos; verificar a divergência genética via distância Euclidiana média e agrupamento via metodologia UPGMA entre os genótipos selecionados, de forma a predizer os possíveis próximos

cruzamentos; verificar a resposta geneticamente correlacionada entre os caracteres avaliados e avaliar os ganhos genéticos preditos com a seleção entre progênes por diferentes índices de seleção que se utilizam da metodologia REML/BLUP. Foram avaliadas 11 famílias de irmãos-completos em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições. A estimação de parâmetros genéticos e a seleção dos melhores genótipos com base no valor genético foram realizados pelo procedimento estatístico REML/BLUP, utilizando o programa Selegen-REML/BLUP, e entre os 30 indivíduos selecionados para as características de maior relevância, procedeu-se também uma análise comparativa entre a massa dos frutos média destes com a dos respectivos genitores destas famílias para verificação de possíveis ganhos em relação aos mesmos, bem como procedeu-se uma análise de divergência genética entre os genótipos selecionados e os parentais via distância Euclidiana média, o que resultou em um dendrograma construído pelo método UPGMA. Depois de obtidas as médias corrigidas pelo procedimento BLUP, as correlações genéticas e fenotípicas foram estimadas com base nos valores genotípicos. Foram utilizados os índices multiplicativos e de rank médio adaptado de Mulamba para realizar a seleção entre famílias. O procedimento estatístico REML/BLUP foi eficiente em estimar os parâmetros genéticos, bem como em selecionar genótipos superiores e a média da maioria dos indivíduos selecionados superou a média dos seus genitores, confirmando que a estratégia de obtenção de famílias de irmãos-completos é eficiente em gerar ganhos expressivos no processo de melhoramento da goiabeira. Com base na divergência genética, foram eleitos os melhores genótipos para serem utilizados como genitores em novos cruzamentos visando à continuidade do programa de melhoramento da goiabeira. Os maiores coeficientes de correlação genotípica foram observados entre as características massa do fruto e massa da polpa (0,9969); massa da polpa e diâmetro do fruto (0,9913); e entre massa do fruto e diâmetro do fruto (0,9949), todas essas consideradas de alta magnitude. O índice multiplicativo se mostrou o mais eficiente em gerar ganhos pela seleção de famílias de irmãos-completos de goiabeira, e suas maiores estimativas de ganho com a seleção podem contribuir para as chances de sucesso do programa de melhoramento da goiabeira na UENF.

## **ABSTRACT**

SOUSA, Carlos Misael Bezerra de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March, 2019; GUAVA BREEDING VIA SELECTION OF FULL-SIB FAMILIES: PROSPECTS OF GAINS WITH SELECTION BETWEEN AND WITHIN FAMILIES; Adviser: Alexandre Pio Viana; Committee Members: Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Geraldo de Amaral Gravina.

Guava (*Psidium guajava* L.) is a fruit appreciated worldwide and Brazil has in recent years increased its production and area planted, besides being one of the main fruit producers in the world. However, one of the obstacles to increased guava production is the low availability of cultivars for use by Brazilian farmers, who have few genotypes at the time of planting. Thus, the greatest challenge for breeders today is the obtaining and availability of new cultivars with characteristics related to fruit quality that are more attractive. Thus, the objectives of this research were: to estimate the components of variance, individual heritability, selective accuracy of progenies and the general mean of the populations using the REML / BLUP methodology in order to select the best individuals within progenies; among the selected individuals, to carry out a comparative analysis between the mean mass of the fruits and those of the respective parents of these families; to verify the genetic divergence via Euclidean Mean distance and grouping via UPGMA methodology among the selected genotypes, in order to predict possible future crosses; to verify the genetically correlated response between evaluated traits and to evaluate predicted genetic gains with progeny selection by different selection indices using the REML / BLUP methodology. Eleven full-sib families were

evaluated in a randomized complete block design with three replicates. The estimation of genetic parameters and the selection of the best genotypes based on the genetic value were performed by the statistical procedure REML / BLUP, using the Selegen-REML / BLUP program, and among the 30 individuals selected for the most relevant characteristics, also a comparative analysis between the mean mass of the fruits with those of the respective parents of these families to verify possible gains in relation to the parents and the genetic divergence via Euclidean mean distance between the individuals selected via BLUP resulted in a dendrogram based on the UPGMA method. After obtaining the means corrected by the BLUP procedure, the genetic and phenotypic correlations were estimated based on the genotypic values. The multiplicative and mean rank indexes of Mulamba were used to perform the selection among families. The statistical procedure REML / BLUP was efficient in estimating the genetic parameters, as well as in selecting superior genotypes and the average of the majority selected individuals exceeded the average of their parents, confirming that the strategy of obtaining full-sibfamilies was efficient in generating gains in the improvement process of guava. Based on the genetic divergence, the best genotypes were chosen to be used as parents in new crosses aiming at the continuity of the guava breeding program. The highest genotype correlation coefficients were observed between fruit mass and pulp mass (0.9969); pulp mass and fruit diameter (0.9913); and between fruit mass and fruit diameter (0.9949), all considered of high magnitude. The multiplicative index proved to be the most efficient in the selection of full sib families, due to the higher gain estimates with the selection, which may contribute to increase the chances of success of the UENF's guava breeding program.

## 1. INTRODUÇÃO

A goiabeira é originária da região tropical do continente americano, sendo seu provável centro de origem localizado entre o Sul do México e o Norte da América do Sul e atualmente, é amplamente difundida nas regiões tropicais e subtropicais do mundo (Pereira e Nachtigal, 2002). A goiaba é uma das mais importantes frutas do Brasil e do mundo, tanto pelo consumo *in natura* quanto pela grande demanda da indústria de doces. No estado do Rio de Janeiro sua produção foi de apenas 15.129 toneladas, o que equivale a 3,28 % da produção nacional da cultura, segundo dados do IBGE (2017).

O maior produtor de goiaba vermelha é o Brasil (Hernandes et al., 2012), no entanto, sua participação no mercado internacional de fruta *in natura* é inexpressiva. O Brasil, embora grande produtor da fruta, até 2010 exportava menos de 1% da sua produção, onde França, Canadá, Reino Unido e os Países Baixos estão entre os países que mais importam esta fruta (Rozane et al., 2003). Esta pequena porcentagem de exportação se deve à falta de uniformidade na forma e tamanho dos frutos, características importantes nos processos de embalagem, transporte e exposição, e o alto grau de perecibilidade do fruto (Faveret, et. al 2000). Para solucionar esses problemas, é necessário que programas de melhoramento sejam implantados, a fim de aumentar a qualidade, produtividade e a inserção da goiaba no mercado internacional.

Tendo em vista esta necessidade, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) iniciou um programa de melhoramento da

goiabeira, com o objetivo de selecionar os indivíduos mais promissores e adaptados à região Norte e Noroeste do Rio de Janeiro. A utilização da seleção via Modelos Mistos no melhoramento de espécies perenes se tornou uma importante ferramenta, por envolver a estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP), resultando num processo de seleção mais acurado, especialmente em se tratando de dados desbalanceados (Resende, 2002; Alves e Resende, 2008; Viana e Resende, 2014).

A utilização da metodologia REML/BLUP tem apresentado importantes resultados no melhoramento de diversas culturas, especialmente de plantas perenes como o café (Petek et al., 2008), o cupuaçu (Alves e Resende 2008), o mamão (Oliveira et al., 2012), o açaí (Teixeira et al., 2012), o maracujá (Santos et al., 2015) e a goiaba (Gomes et al., 2017). Neste contexto, o melhoramento da goiabeira com enfoque na seleção de genótipos elites via famílias de irmãos-completos vem demonstrando ser uma potencial estratégia de seleção, principalmente quando estão envolvidos caracteres de baixa herdabilidade. A seleção, neste caso, consiste em ranquear os indivíduos com elevados valores genotípicos dentro das famílias de irmãos-completos com o uso dos modelos mistos (Quintal et al, 2017).

Além disso, o programa de melhoramento genético da goiabeira tem por finalidade obter genótipos aprimorados para um conjunto de características referentes à qualidade do fruto. Deste modo, em razão do grande número de caracteres avaliados em geral, levando em conta a produção e as características ligadas à qualidade dos frutos, há também a necessidade de utilizar metodologias mais abrangentes em relação à importância desses caracteres, bem como estimar resposta correlacionada à seleção existente nestas características.

Considerando os poucos estudos relacionados com o conhecimento das relações entre características de qualidade de frutos em goiabeira, torna-se importante o entendimento dessas relações e de como o melhoramento de uma característica pode influenciar nas demais, auxiliando nas tomadas de decisão durante a seleção para a obtenção dos resultados pretendidos no melhoramento da cultura, de forma mais eficiente. A seleção direta e a indireta são as primeiras alternativas para obtenção de ganhos genéticos compensadores. Entretanto,

como geralmente são analisados diversos caracteres a serem analisados em conjunto e agregados em um genótipo, a resposta correlacionada à seleção dificulta o trabalho da própria seleção, assim, os métodos de seleção univariada, na maioria das vezes, não permitem a obtenção de ganhos satisfatórios (Oliveira et al. 2008). Em razão do grande número de características avaliadas nas fruteiras em geral, levando em conta a produção e as variáveis ligadas à qualidade dos frutos, faz-se necessário a utilização de metodologias mais abrangentes em relação à importância desses caracteres.

Os índices de seleção, atuando no melhoramento da cultura, possibilitam agregar múltiplas informações ao processo, visando à seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico simultaneamente (Cruz et al., 2012).

Uma alternativa que tem sido empregada na construção de índices e que pode resultar em um processo de seleção mais acurado é o emprego de componentes de variância estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (Resende, 2002). Os índices de seleção lineares via modelos mistos constituem uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse com propriedades genéticas da população avaliada que podem resultar em processos seletivos acurados ao longo do melhoramento da cultura (Resende, 2007).

Estas ferramentas em conjunto vêm sendo aplicadas no melhoramento de várias culturas e têm apresentado bons resultados em termos de ganho genético obtido (Pedrozo et al., 2009; Teixeira et al. 2012; Carías et al. 2016; Resende et al. 2014).

Assim, os objetivos desta pesquisa foram estimar os parâmetros genéticos da população via metodologia REML/BLUP a fim de selecionar os melhores indivíduos dentro das famílias; realizar, entre os indivíduos selecionados, uma análise comparativa entre os indivíduos selecionados e os respectivos genitores destas famílias; verificar a divergência genética com base em todos os caracteres morfoagronômicos avaliados entre os genótipos selecionados, de forma a prever os possíveis próximos cruzamentos; verificar a resposta geneticamente correlacionada entre estes caracteres e avaliar os ganhos genéticos preditos por diferentes índices de seleção que se utilizam da metodologia REML/BLUP em 11

caracteres relacionados à qualidade do fruto, a fim de promover a seleção de progênies de irmãos-completos de goiabeira provenientes do programa de melhoramento da cultura na UENF.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo Geral

Analisar, em termos de ganhos genéticos, a metodologia de obtenção de famílias de irmãos-completos em goiabeira e identificar a melhor estratégia de seleção e predição de novos cruzamentos.

### 2.2. Objetivos Específicos

- I. A estimação dos parâmetros genéticos via metodologia REML/BLUP, a fim de selecionar os melhores indivíduos dentro de progênies;
- II. Realizar uma análise comparativa entre os indivíduos selecionados e seus genitores com base na massa média dos frutos;
- III. Verificar a divergência genética via distância Euclidiana Média e agrupar via metodologia UPGMA, os genótipos selecionados, de forma a predizer os possíveis próximos cruzamentos a serem realizados;
- IV. Verificar a resposta geneticamente correlacionada entre os caracteres avaliados via análise de correlação simples, bem como os efeitos diretos e indiretos das características sobre a variável primária massa do fruto via análise de trilha;
- V. Avaliar os ganhos genéticos preditos com a seleção entre progênies por diferentes índices de seleção que se utilizam da metodologia REML/BLUP.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Origem e aspectos gerais da cultura

O gênero *Psidium* pertencente à família Myrtaceae, composta por aproximadamente 3800 a 5800 espécies, considerado Neotropical em sua distribuição nativa, podendo ocorrer do sul do México até a província de Buenos Aires na Argentina, incluindo ainda o Oeste das Índias (Ilhas do Caribe) e dois arquipélagos no Pacífico, o de Galápagos e as Ilhas Revillagigedo (Soares-Silva; Proença, 2008; Govaerts et al., 2013).

Existem três aparentes centros de diversidade para o gênero, sendo (1) Oeste das Índias, particularmente Cuba e Hispaniola; (2) Sul do Brasil e Paraguai, e (3) Norte da América do Sul (Peru, Venezuela e as Guianas). Estas três áreas apresentam uma grande variabilidade de *habitats* naturais e o grande número de espécies de *Psidium* presentes resulta das suas respectivas explorações (Soares-Silva; Proença, 2008).

O número de cromossomos de espécies da família Myrtaceae foi caracterizado por Costa e Forni-Martins (2007), sendo verificado que o número básico da maioria das espécies é  $x=11$ . No entanto o número somático pode variar de  $2n=2x=22$ ,  $2n=4x=44$ . Em espécies do gênero *Psidium*, o número cromossômico pode variar de 22 a 98 (Eder-Silva et al., 2009), sendo *Psidium guajava* L.  $2n=22$  (Costa e Forni-Martins, 2006).

No Brasil, de acordo com Pommer et al. (2012), embora outros gêneros de Myrtaceae incluam espécies vulgarmente conhecidas como araçás, geralmente

de frutos comestíveis, as três principais espécies de araçazeiros pertencem ao gênero *Psidium*, as quais são também, a exemplo da goiabeira, muito variáveis em seus aspectos morfológicos, principalmente quanto aos frutos.

Estima-se que cerca de 100 espécies ocorram no gênero *Psidium*, das quais destacam-se: *P. guajava* L. (goiaba,  $2n = 22$ ), *P. cattleyanum* Sabine (araçá doce ou araçá-de-coroa) e *P. guineense* Swartz ou *P. araçã Raddali* (araçá verdadeiro, araçá ácido ou araçá do campo) caracterizadas por apresentarem frutos de sabor exótico com elevado teor de vitamina C e terem boa aceitação pelos consumidores (Manica et al. 2001; Bezerra et al. 2006; Soares-Silva; Proença, 2008;). Dentre as diferentes espécies do gênero *Psidium*, a espécie *Psidium Guajava* L. é a que apresenta maior potencial para a exploração econômica, pois as demais têm maior importância para a criação de bancos de germoplasma e disponibilização de material genético para programas de melhoramento (Pommer et al. 2012).

A goiabeira, por sua vez, é originária da região tropical do continente americano, sendo seu provável centro de origem localizado entre o Sul do México e o Norte da América do Sul (Pereira e Nachtigal, 2002). Sua disseminação no mundo ocorreu através dos colonizadores espanhóis na época da colonização do Brasil, e no continente americano, provavelmente ocorreu por meio de pássaros e a pequenos animais que se alimentavam da fruta e propagavam sementes. Atualmente, é amplamente difundida nas regiões tropicais e subtropicais do mundo (Pereira e Nachtigal, 2002).

A goiabeira é uma frutífera que possui porte de pequeno a médio, geralmente de 3 a 5 metros de altura, com conformação tortuosa e esgalhada. Na fase adulta, possui a casca do caule de coloração castanho-arroxeadada, fina, lisa e brilhante. A casca se mantém aderente quando viva e se desprende em lâminas quando seca. Essa espécie é considerada como sendo de folhas perenes, que se renovam abrupta e uniformemente no início da primavera, estas folhas são completas, oblongas, pubescentes na parte abaxial, com nervuras secundárias ao limbo da principal (Manica et al. 2001).

O fruto é do tipo baga globosa, possuindo internamente um mesocarpo de textura firme, preenchido por uma massa de consistência pastosa, onde estão as sementes. Seu formato pode variar de redondo a piriforme e a cor da polpa é variável, podendo ser branca, vermelha, amarela ou rosa (Natale et al. 2009). O

peso dos frutos também é bastante variável, sendo encontrados frutos de 42 gramas a 280 gramas. A casca do fruto pode ser grossa ou fina, com superfície lisa (Manica et al. 2001).

As flores são brancas ou ligeiramente rosadas, pentâmeras e hermafroditas, com androceu formado por aproximadamente 350 estames. O gineceu é gamocarpelar, com ovário ínfero, é tri, tetra ou plurilocular, com numerosos óvulos tendo placentação marginal (Manica et al. 2001; Pereira e Nachtigal, 2002).

Diferentes trabalhos apresentam afirmações contraditórias quanto à receptividade do estigma em goiabeira. Singh e Sehgal (1968) afirmam que esta receptividade se inicia dois dias antes da antese, enquanto para Boti (2001) o estigma fica receptivo na pré-antese e assim permanece por 30 horas. Em contrapartida Soubihe Sobrinho (1951) alega que o estigma se torna receptivo no momento da antese, já outros autores sugerem que ocorre 2 a 3 horas após a abertura da flor (Dasarathy, 1951; Balasubrahmanyam, 1959).

Estudos sobre a biologia reprodutiva de Myrtaceae, especialmente *Psidium guajava* L. no Brasil são escassos, portanto pouco se sabe sobre as necessidades de polinização da goiabeira e de possíveis perdas de produtividade devido à falta de polinização adequada das flores (Alves et al. 2007). No entanto, a polinização cruzada pelo transporte do pólen principalmente por abelhas é considerada por alguns autores como sendo a forma mais frequente de polinização em *Psidium guajava* L., onde as pétalas e estames são os atrativos visuais para os polinizadores em geral. (Dasarathy, 1951; Balasubrahmanyam, 1959; Manica et al. 2001; Gressler et al., 2006).

No que diz respeito à polinização da goiabeira, como o estigma é exserto acima dos estames, a autopolinização sem a ajuda de agentes externos é bastante incomum. Entretanto, sabe-se que apresenta polinização cruzada, que pode variar entre plantas, de 25,7% a 41,3%, com uma média de 35,6% (Pommer et al. 2012)

Embora a polinização cruzada seja mais comum na goiabeira, sendo classificada como alógama, a autofecundação também ocorre em menor proporção. Alves et al. (2007) verificaram que apenas 15% das autofecundações produziram frutos, em contrapartida 67% dos frutos provenientes de polinização cruzada foram colhidos.

Sobre o período produtivo, Pommer et al. (2012) cita que, em condições de clima temperado, há apenas uma estação de frutificação por ano, e conseqüentemente pouca escolha neste item. Por outro lado, nos trópicos, independentemente da época do ano, a renovação do crescimento vegetativo pode ser induzida principalmente pela poda dos ramos, embora técnicas mais elaboradas possam ser utilizadas para a queda das folhas e indução da brotação de novos ramos.

A goiabeira possui alta relevância mundial e tem sido amplamente distribuída em várias regiões do globo, principalmente na América e na Austrália, onde tem obtido destaque pelo seu elevado teor nutritivo, sendo rica em açúcares, sais minerais, vitamina C, licopeno, fibras, betacaroteno, e pelo sabor e aroma de alta aceitação (Risterucci et al., 2005; Campos et al., 2013).

O Brasil possui condições edafoclimáticas ideais para o cultivo de goiabeiras, sendo encontrados pomares comerciais desde o Rio Grande do Sul, passando por São Paulo, Minas Gerais, Goiás até o Norte e Nordeste brasileiro (Natale et al., 2009). No ano de 2013, a produção de goiaba no Brasil atingiu cerca de 349.615 t com uma área plantada  $14.982 \text{ ha}^{-1}$ , segundo dados do IBGE (2013), o que torna o país um dos maiores produtores de goiaba no mundo, juntamente com Índia e México. Natale et al. (2009) relaciona as cultivares Paluma, Rica, Pedro Sato, Kumagai, Sassaoka, Ogawa, Yamamoto e Século XXI como as mais plantadas no país.

Já em dados mais recentes, a importância do Brasil no cenário mundial no que concerne a produção de goiaba tem se mostrado crescente, haja vista que a produção anual de goiabas no Brasil em 2017 foi de aproximadamente 460.515 toneladas, sendo a área plantada de 20,2 mil ha, com produtividade média de 22,791 ton/ha, o que gera um valor de produção estimado em 588,6 milhões de reais que até 2015 era de 476,8 milhões de reais (IBGE, 2017).

É necessária, porém, a adoção de pesquisas que visem o melhoramento da cultura para o mercado, que impliquem em maior produção e qualidade dos frutos, bem como características que sejam atraentes ao consumidor e à indústria. Para suprir essa deficiência é imprescindível que se desenvolva programas de melhoramento genético a fim de selecionar genótipos que possuam uniformidade quanto à forma, coloração, tamanho dos frutos e grau de

percebibilidade na fase de pós-colheita adequados, fatores que constituem um grande obstáculo para a inserção e ampliação no mercado interno e externo.

### **3.2. Melhoramento genético da goiabeira**

Os primeiros trabalhos científicos visando o melhoramento da goiabeira começaram a surgir na metade do século XX, principalmente nos Estados Unidos, em Porto Rico, na Índia e no Egito. No Brasil, as primeiras pesquisas foram feitas no ano de 1951, na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, porém, as principais cultivares produtoras de frutos destinados ao consumo *in natura* surgiram a partir de trabalhos desenvolvidos por produtores de origem japonesa (Pereira e Nachtigal, 2002).

Grande parte das cultivares de goiabeira no país foi obtida por meio da seleção, por produtores ou por instituições de pesquisa, de plantas provenientes de pomares de polinização aberta, onde muitas plantas com características superiores foram selecionadas e tiveram suas características fixadas por meio da propagação assexuada (Pommer et al., 2012; Campos et al., 2013).

No melhoramento da goiabeira, geralmente são aplicadas técnicas de seleção e hibridação. Desse modo, Pereira e Nachtigal (2003) indicam que para se obter sucesso em um programa de melhoramento voltado para essa frutífera, é necessário que se tenha acesso a informações básicas relativas à herança dos principais caracteres da espécie, bem como à divergência genética disponível para o melhoramento.

As características desejáveis relacionadas à planta e ao fruto e, portanto de maior interesse nos trabalhos de melhoramento da espécie vão depender do destino a ser dado ao fruto, seja consumo *in natura* ou industrialização. Entretanto, algumas características gerais sempre são valorizadas, como: porte baixo, formação aberta, ramificação lateral, com ramos vigorosos, massa do fruto maior que 100 g, polpa vermelha, rendimento de polpa superior a 70 %, sólidos solúveis acima de 10 °Brix, conteúdo de vitamina C próximo de 100 mg de ácido ascórbico por 100 g de polpa e uma produção mínima de 30 t ha<sup>-1</sup> (Manica et al. 2001; Pereira e Nachtigal, 2003).

Há aproximadamente oito anos, a UENF iniciou um programa de melhoramento genético da goiabeira no município de Campos dos Goytacazes, RJ. Este programa, inicialmente, visava à obtenção de populações segregantes

oriundas de cruzamentos entre a espécie cultivada (*Psidium guajava*) com genótipos resistentes ao nematoide (*Meloidogyne enterolobii* ou *M. mayaguensis*), que, em complexo com o *Fusarium solani* Mart. Sacc causa a morte prematura de goiabeiras das regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, porém, devido às dificuldades na obtenção de cruzamentos interespecíficos, outros cruzamentos foram priorizados.

Desse modo, populações segregantes foram também obtidas via cruzamento de plantas de goiabeira selecionadas e mantidas por produtores no município de Bom Jesus do Itabapoana. A partir destes cruzamentos, foram estabelecidas dezessete progênies de irmãos-completos que foram posteriormente fenotipadas em experimentos delineados em blocos casualizados na área de pesquisa localizada na Escola Agrícola Antônio Sarlo por Pessanha et al. (2011).

Como passo inicial do programa de melhoramento da UENF, Pessanha (2011) objetivou com algumas pesquisas, o estudo da diversidade genética dos acessos via marcadores moleculares RAPD e SSR (microsatélites), o estudo do comportamento meiótico da espécie *Psidium guajava* L., a verificação da viabilidade polínica destes acessos, bem como a verificação da eficácia dos cruzamentos realizados para a obtenção dos híbridos e composição das populações segregantes para posterior avaliação.

Em estudo seguinte, Campos et al. (2013) objetivaram quantificar a divergência genética entre 138 acessos de goiabeira procedentes do banco de germoplasma da UENF com base em descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos, por meio do procedimento Ward - Modified Location Model (MLM), observando a formação de oito diferentes grupos de acordo com variáveis morfológicas, agronômicas e físico-químicas dos frutos. Os autores indicaram que os genótipos dos grupos III apresentaram maior desempenho, acidez do fruto e vitamina C e os do grupo VIII, massa média do fruto, diâmetro longitudinal e transversal do fruto, rendimento de polpa, brix e brix/acidez do fruto e indicaram, como a melhor opção, o cruzamento entre indivíduos dos dois grupos.

A seleção de famílias vem se tornando uma estratégia eficiente para a cultura, sobretudo quando estão envolvidos caracteres de baixa herdabilidade na seleção. A seleção de famílias consiste em selecionar aquelas com elevados valores genotípicos sendo descartadas famílias com valores genotípicos baixos

(Oliveira et al., 2012). Neste caso, a seleção de famílias com base em caracteres quantitativos de produção, poderá possibilitar a identificação de progênies ou famílias mais promissoras e com maior probabilidade de produtividade. (Lucius et al. 2014).

Em estudo realizado por Quintal et al. (2017), os genitores selecionados por estudo da diversidade genética via marcadores RAPD (Pessanha et al., 2011) foram utilizados para cruzamento e foram obtidas 17 famílias de irmãos-completos, sendo estas avaliadas e selecionadas via metodologia REML/BLUP. Os genótipos foram avaliados em três épocas distintas seguindo o delineamento de blocos casualizados com duas repetições e 12 plantas por parcela. A partir de diversos caracteres relacionados à planta e principalmente ao fruto, foi possível realizar a seleção de famílias e indivíduos por meio de modelos mistos, em que a metodologia REML/BLUP apresentou-se como uma importante estratégia para identificar indivíduos com elevados valores genotípicos, com maior probabilidade de seleção de materiais potenciais, ou mesmo, de geração de híbridos.

### **3.3. REML/BLUP**

Tanto o desenvolvimento de novas cultivares quanto a recomendação de novas variedades para os produtores requerem que uma seleção seja feita entre um grande número de genótipos candidatos à seleção, portanto a estimação dos valores genotípicos é a chave para qualquer avanço no melhoramento genético (Piepho et al. 2008).

A predição dos valores genéticos dos vários candidatos à seleção é o problema central do melhoramento genético, porém esta predição necessita de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão. A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento (Resende, 2007a; Resende, 2007b).

Diversos métodos estatísticos podem ser utilizados para a estimação ou predição de valores genotípicos, assumindo modelos fixos, aleatórios ou mistos, e baseados em quadrados mínimos, máxima verossimilhança, ou inferência Bayesiana (Viana et al., 2011). O mesmo autor afirma que uma flexível e

poderosa metodologia foi desenvolvida a partir da combinação da melhor predição linear não-viesada (BLUP), método proposto por Henderson (1974), e o método da máxima verossimilhança restrita (REML), proposto por Patterson e Thompson (1971). O método ótimo para a estimação dos componentes de variância é o REML e o procedimento responsável pela predição dos valores genéticos é o BLUP (Resende, 2004).

O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente. Desse modo, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925 (Resende, 2007b).

Este método permite a estimação dos componentes de variância mesmo em situações de experimentos desbalanceados. Esta possibilidade se torna de fundamental importância no contexto do melhoramento genético da goiabeira, tendo em vista a relevância da unidade de seleção “indivíduo” em detrimento da unidade de seleção “média de grupos de indivíduos”, fato que demanda a predição dos valores genéticos (aditivos e não-aditivos) individuais para fins de seleção; além da redução da taxa de sobrevivência das plantas nos experimentos ao longo das idades, fatos que, associados à sobreposição de gerações, tendem a gerar dados desbalanceados para uso na estimação de parâmetros genéticos e na predição dos valores genéticos individuais (Viana e Resende, 2014)

Os estimadores REML apresentam algumas características específicas como: (a) não vício, tal que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro; (b) consistência, tal que, com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o parâmetro e a variância do estimador seja zero; (c) eficiência, tal que o estimador apresente variância mínima; (d) suficiência, tal que, o estimador condense o máximo possível à informação contida na amostra e não seja função (dependente) do parâmetro; (e) invariância de translação; tal que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos (Viana e Resende, 2014).

Nesta abordagem do procedimento REML/BLUP, os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios, e os efeitos de tratamentos geralmente são considerados como efeitos aleatórios. As predições dos efeitos

aleatórios possuem alta acurácia de seleção, que é o parâmetro estatístico que verifica a correlação entre o valor genotípico verdadeiro dos genótipos avaliados e o predito a partir de informações de avaliações experimentais, mesmo em caso de dados desbalanceados, gerando valores genéticos e não fenotípicos. Assim, as inferências sobre os tratamentos serão realizadas pelos procedimentos REML/BLUP, considerando ainda a interação genótipo/ambiente como efeito aleatório, possibilitando que inferências sobre os genótipos sejam feitas para toda a população, não apenas sobre os genótipos avaliados (Resende, 2004; Resende, 2007b).

Portanto, a consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial ao melhoramento genético, uma vez que esta é a única forma de se fazer seleção genética. Caso contrário à seleção será apenas fenotípica, isto porque a forma de se eliminar os efeitos ambientais residuais embutidos nos dados fenotípicos é por meio do efeito shrinkage ou multiplicação do valor fenotípico corrigido por uma função da herdabilidade do caráter sob seleção, uma propriedade do estimador BLUP (Resende, 2004; Resende, 2007a).

O efeito Shrinkage é muitas vezes uma propriedade estatística desejável em um estimador devido ao grande aumento na precisão. Com isso, todo o viés proveniente do efeito shrinkage é mais do que compensado pela redução nos modelos altervariância, assim levando a um menor quadrado médio do resíduo (Piepho et al., 2008).

Viana e Resende (2014) relacionam as principais vantagens práticas com a utilização do REML/BLUP, são elas: a possibilidade de comparação dos indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); de correção simultânea para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas; permite o ajuste de vários modelos alternativos.

Os melhoristas de plantas têm aplicado à abordagem dos modelos mistos em várias culturas, em especial nas espécies florestais (Rocha et al., 2006; Costa

et al., 2008). Estudos em fruteiras têm utilizado esta abordagem, sendo considerado um método eficiente para a seleção genotípica (Oliveira et al., 2012; Farias Neto et al., 2012).

### **3.4. Divergência genética**

A seleção dos melhores indivíduos para serem utilizados em cruzamentos para uma próxima geração é essencial para o melhoramento genético de qualquer cultura. Neste contexto, torna-se de grande utilidade para o melhoramento da goiabeira a estimação da diversidade genética da população utilizando marcadores de DNA em associação com o processo de seleção ou por meio de análises de divergência baseadas em caracteres agronômicos, isto porque cruzamentos envolvendo parentais geneticamente divergentes são mais indicados por tirarem proveito de um maior efeito heterótico e de uma maior variabilidade genética das populações segregantes (Almeida et al., 2014).

O estudo da diversidade genética consiste em uma importante etapa tanto para o melhoramento de plantas quanto para a conservação de espécies vegetais, pois permite descrever e diferenciar acessos, o que possibilita identificar genótipos contrastantes a fim de realizar cruzamentos promissores e encontrar fontes de resistências a doenças (Cruz e Carneiro, 2006).

A diversidade genética expressa à diferença entre as frequências alélicas das populações (Falconer, 1987), podendo esta diferença ser estimada por intermédio de diversos marcadores, bem como por meio de descritores morfoagronômicos, fisiológicos, bioquímicos ou moleculares (Amaral Junior et al., 2010).

Com relação à quantificação da variabilidade genética, esta pode ser estimada por meio de análises multivariadas que se baseiam nas diferenças entre os acessos. Estas permitem analisar múltiplas informações de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais. As análises multivariadas têm sido utilizadas para estimar a divergência genética, verificar os genótipos mais contrastantes e até mesmo identificar duplicatas em bancos de germoplasma (Cruz e Carneiro, 2006). No estudo da divergência genética, podem ser utilizados vários métodos, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos.

A análise de agrupamento trata da identificação de grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade, a qual pode ser baseada em diversas distâncias genéticas existentes, como a Distância Euclidiana, Distância de Mahalanobis, Coeficiente de Similaridade Nei e Li e a Distância de Gower (Cruz et al., 2012).

Portanto, é possível separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos, de acordo com o critério de similaridade ou de dissimilaridade adotado (Cruz e Carneiro, 2006). Dentre estes métodos, os hierárquicos (vizinho mais próximo, vizinho mais distante, Ward, UPGMA – Unweighted Paired Group Method Using Averages) e os de otimização (como o Método Tocher, por exemplo) são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Já nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, diferindo dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (Cruz et al., 2004).

Considerando-se que a análise multivariada possibilita a predição da heterose, alguns cruzamentos podem ser sugeridos, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características agrônômicas (Sudré et al., 2005).

Nimisha et al. (2013) destacam a importância da detecção de variação genética para a micropropagação e na conservação de germoplasma *in vitro*, possibilitando eliminar as variações somaclonais indesejáveis. Os autores também afirmam que, com base nos caracteres morfológicos, nem sempre é possível discriminar entre genótipos de goiaba estreitamente relacionados. Embora existam vários marcadores morfológicos como cor do fruto, forma e tamanho de folha, eles podem não ser úteis para discriminar entre os genótipos de goiaba muito estreitamente relacionados.

A inclusão e a utilização mais frequente de marcadores baseados em DNA para a caracterização de germoplasma é justificada pela geração de maior quantidade de informação a respeito dos genótipos, além do fato de estes

marcadores não serem afetados pelo ambiente, tornando as conclusões e interpretações mais confiáveis (Mehmood et al., 2013).

Entre os marcadores moleculares utilizados em estudos de diversidade genética em goiaba, trabalhos como o de Pessanha et al. (2011) demonstraram a aplicabilidade de marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), porém marcadores SSR, também conhecidos como microssatélites têm sido amplamente utilizados em estudos genômicos de plantas, e são referidos como sendo mais variáveis do que RFLP e RAPD (Nimisha et al., 2013).

### **3.5. Caracteres Correlacionados**

Em programas de melhoramento genético, ao longo do processo de seleção, objetiva-se melhorar um caráter principal, além de manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (Lopez et al., 2002). Portanto, para obter ganhos na seleção de genótipos superiores, entre outros aspectos, é importante conhecer tanto a variabilidade genética disponível nas espécies quanto nas associações de caracteres para desenvolver genótipos agronomicamente desejáveis (Oliveira et al., 2010).

Quando se explora a variabilidade por meio da seleção sobre determinado caráter, outros caracteres podem ser simultaneamente alterados, devido à correlação genética entre os caracteres. As correlações são explicadas por dois fatores: a ligação física de genes que estão no mesmo cromossomo e que afetam diferentes características e pelo efeito de um mesmo gene em mais de uma característica (pleiotropia). Deve-se conhecer e quantificar essas correlações para que se possa prever o efeito da seleção em todos os caracteres de interesse. A correlação genética em virtude da ligação gênica será maior quanto mais próximo estiverem os genes no cromossomo, aumentando a possibilidade de permanecerem juntos mesmo após a autofecundação, mantendo-se assim a correlação entre eles (Correa et al., 2012; Falconer; Mackay, 1996).

O conhecimento das correlações tem papel fundamental ao medir o grau de associação entre variáveis e possibilita avaliar o quanto a alteração em uma variável pode afetar as demais. Se a seleção de uma variável é dificultada pela baixa herdabilidade ou por problemas de mensuração e identificação, esse tipo de conhecimento se torna importante nas diferentes etapas dos programas de melhoramento (Cruz et al., 2012).

Dentre essas associações, as correlações fenotípicas entre caracteres estão relacionadas a causas genéticas e ambientais, mas apenas as genéticas incluem uma associação com herdabilidade, que pode ser usada para ganhos em programas de melhoramento genético (Cruz et al., 2012).

O ambiente torna-se causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas variações nas condições de ambiente. Valores negativos desta correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento de outro, e valores positivos indicam que dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variação ambiental (Cruz et al. 2005).

Os coeficientes de correlação, apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências dos fatores na determinação de caracteres complexos, não detalham a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores. Com isso, muitas vezes faz-se necessária à utilização de estudos sobre o desdobramento do coeficiente de correlação, que podem ser obtidos via análise de trilha (Cruz et al., 2012).

Para melhor entender a associação entre caracteres, o método denominado análise de trilha, que desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre uma variável básica (Wright, 1921) baseia-se na avaliação do efeito de uma variável independente (x) sobre uma variável dependente (y), após a remoção da influência de todas as outras variáveis independentes (xi) incluídas na análise (Hartwig et al., 2007).

Considerando os poucos estudos relacionados com o conhecimento das relações entre características de qualidade de frutos em goiabeira, torna-se importante entender essas relações e de como o melhoramento de uma característica pode influenciar nas demais, auxiliando nas tomadas de decisão durante a seleção para a obtenção dos resultados pretendidos no melhoramento da cultura de forma mais eficiente.

Associações entre características vegetativas e de produção foram analisadas por Santos et al. (2017) em famílias de irmãos-completos em pesquisa na qual estimou-se a variabilidade genética para número de frutos (567,66) e produção por planta (11,818), caracteres com alta correlação genética (0,9045), o que evidenciou seleção simultânea. Também foi relatado que a seleção indireta não promoveu ganhos simultâneos para produção por planta a partir dos

componentes primários número de frutos e massa de frutos, o que dificulta a obtenção de cultivares de goiabeira com alta produção, número de frutos e massa de fruto. E características vegetativas apresentaram pouca influência na produção, no número de frutos e na massa de frutos.

Ao investigar a variabilidade genética em progênies de irmãos-completos de *Psidium guajava* e estimar o progresso genético obtido a partir de diferentes critérios de seleção, Paiva et al. (2016) realizaram análises de correlação genética, fenotípica e ambiental para vários caracteres relacionados à qualidade do fruto e produção. As estimativas de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre a produção total e todas as outras características foram negativas, exceto para espessura da casca; ou seja, os autores relatam que, ao praticar a seleção para produção total, todas as outras características podem ser afetadas negativamente. Além disso, foi observada correlação negativa entre a produção total de frutos e o rendimento de polpa, o que, segundo os autores são explicados pelo aumento na espessura da casca, com o aumento da produção de frutos.

### **3.6. Índices de seleção**

Ganhos genéticos podem ser obtidos utilizando a seleção direta e indireta para uma determinada característica de interesse. Porém, quando duas ou mais características estão correlacionadas, os critérios de seleção univariada podem não gerar ganhos genéticos satisfatórios para todas as características avaliadas. De acordo com Berilli et al. (2013), isso decorre do fato de que as características são avaliadas simultaneamente e reunidas em um único genótipo, o que dificulta a seleção, uma vez que pode haver influência da correlação entre caracteres, cuja direção e magnitude dependem da associação entre eles.

Dessa forma, para selecionar genótipos que possuam um conjunto de características favoráveis e obter ganhos genéticos satisfatórios na maioria delas, têm-se utilizado metodologias multivariadas para a seleção, com destaque para os índices de seleção, dentre as técnicas atualmente disponíveis (Cruz et al., 2012).

Smith (1936) foi o idealizador da metodologia de índice de seleção que vem sendo vastamente aperfeiçoada até os dias atuais, principalmente com os avanços na área de bioinformática, permitindo melhorias nos programas e

resultados rápidos, avaliações críticas e comparações com outros métodos de seleção para múltiplas características.

O índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) tem como objetivo maximizar a correlação entre o índice e o valor genotípico dos indivíduos e é um dos mais utilizados. Este índice é uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico.

Paiva et al. (2016) foram os primeiros a utilizar este índice aplicado na seleção de famílias de irmãos-completos em goiabeira. A seleção direta proporcionou maiores ganhos para o número de frutos, e a seleção indireta gerou pequenos ganhos para as outras características. Quando os valores do ensaio foram utilizados como peso econômico, o índice clássico foi o critério de seleção que apresentou os melhores resultados para ganhos no número de frutos e no peso dos frutos, sendo indicado pelos autores como uma estratégia de seleção adequada para o melhoramento genético desta população de estudo.

Uma alternativa a ser empregada na construção de índices e que pode resultar em processo de seleção mais acurado é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (Resende, 2002). Com isso, há também os índices de seleção lineares via modelos mistos que constituem uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse com propriedades genéticas da população avaliada que podem resultar em processos seletivos acurados (Resende, 2007).

Os índices de seleção via modelos mistos podem ser obtidos por três diferentes abordagens, sendo: aditivo, multiplicativo e índice de ranks médio. No índice de seleção aditivo de Smith (1936) e Hazel (1943) são fornecidos pesos econômicos de cada característica e os valores genéticos padronizados. Para o índice multiplicativo o agregado genotípico refere-se aos ganhos das características e no índice de ranks médio, adaptado de Mulamba e Mock os valores genotípicos são classificados para cada característica e a média dos rankings de cada genótipo para todas as características são apresentadas como resultado final (Resende, 2007).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

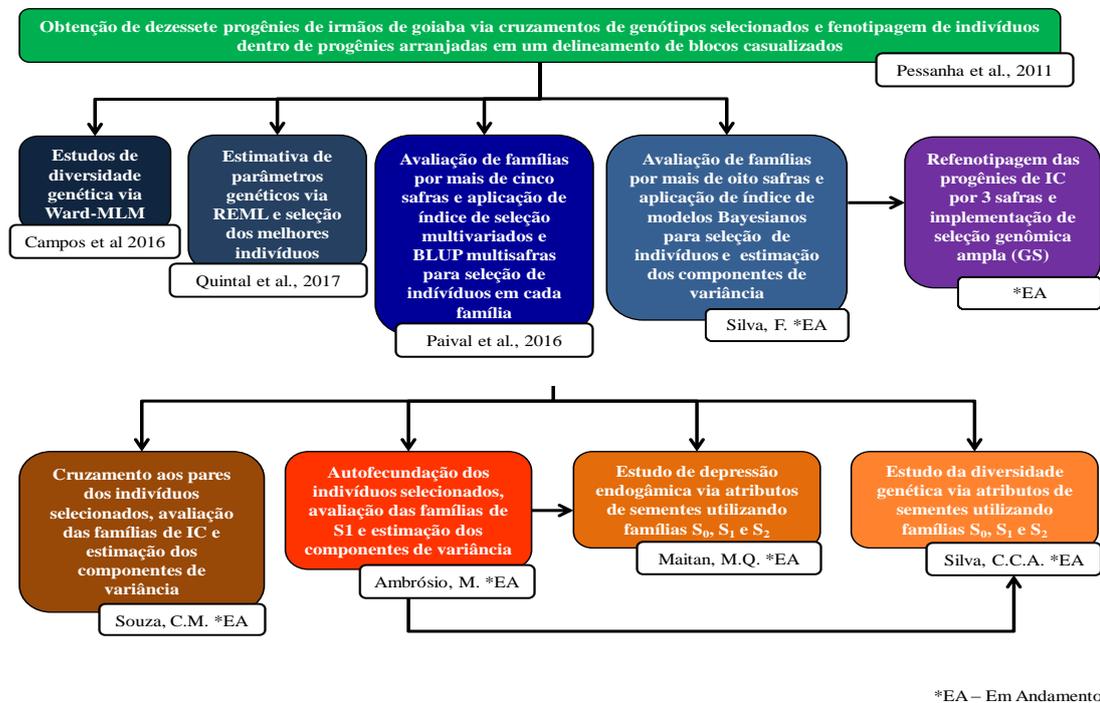
### 4.1. População avaliada

Foram avaliadas 11 famílias de irmãos-completos neste experimento, sendo que as mesmas tiveram origem a partir de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011) com base em informações a respeito da diversidade genética existente em sua população de estudo.

O programa de melhoramento da goiabeira na Universidade Estadual do Norte Fluminense por meio da seleção de famílias de irmãos-completos teve início a partir de coletas de 20 acessos realizadas por Pessanha et al. (2011) nas cidades de São João da Barra e São Francisco do Itabapoana, no estado do Rio de Janeiro, além da seleção via marcadores RAPD dos 7 genótipos mais contrastantes geneticamente para em seguida proceder com cruzamentos entre estes indivíduos para a obtenção de 17 famílias segregantes de irmãos-completos.

Os parentais usados nos cruzamentos apresentavam um considerável grau de divergência genética, pois as plantas foram selecionadas em pomares provenientes de mudas cultivadas a partir de sementes. As sementes obtidas com os frutos desses cruzamentos originaram uma população segregante de ampla variabilidade genética avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017), onde as melhores plantas dentro das progênies mais produtivas foram cruzadas novamente para dar origem às 11 famílias de irmãos-completos que compõem este experimento. Um fluxograma foi construído para

apresentar um resumo do melhoramento realizado nestas populações que deram origem às famílias avaliadas neste experimento, apresentado na Figura 1



**Figura 1.** Fluxograma do histórico do programa de melhoramento genético da goiabeira na UENF, com alusão aos objetivos atuais.

As famílias de irmãos-completos e suas respectivas denominações (cruzamentos) estão listadas na Tabela 1.

**Tabela 1.** Famílias de irmãos-completos obtidas a partir dos genótipos parentais selecionados por Quintal et al. (2017) avaliadas neste experimento. Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

Famílias	Cruzamentos	Famílias	Cruzamentos
1	8.4 II x 5.4 II	7	12.11 II x 12.4 II
2	10.5 I x 12.4 II	8	12.11 II x 3.11 II
3	12.11 II x 8.4 II	9	12.11 x 7.9
4	4.5 x 2.6	10	8.1 II x 12.4 II
5	12.11 I x 8.4 I	11	12.4 II x 12.11 II
6	12.4 x 12.11		

## **4.2. Instalação e condução do experimento**

O experimento foi conduzido na área experimental da UENF, em Campos dos Goytacazes, norte do estado do Rio de Janeiro, no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, situado a 21° 08' 02" S e 41° 40' 47" W, clima tropical subúmido e seco, com temperatura média anual oscilando de 22 a 25°C e precipitação média anual entre 1200 e 1300 mm.

Após a obtenção das mudas, o experimento foi estabelecido a partir de um delineamento em blocos casualizados com três repetições desbalanceados, onde, cada repetição contava com oito plantas de cada família. As plantas foram alocadas com espaçamento de 1,20 m entre si e 3,50 entre as fileiras. Foi utilizada a irrigação do tipo localizada por gotejamento. A fertilização foi realizada de acordo com a análise de solo, em sessões divididas após a poda até a colheita, com três doses de 123 g de ureia, 315 g de superfosfato simples e 87 g de cloreto de potássio aplicados por planta a cada 30 dias. Foram realizados os tratamentos culturais e podas de acordo com o recomendado para a cultura da goiabeira.

## **4.3. Características avaliadas**

Foram amostrados cinco frutos por indivíduo, colhidos no estágio de maturação três, descrito por Azzolini et al. (2004), quando a cor da casca é verde-amarelada, ângulo de cor entre 112°h e 108°h no momento da colheita.

Os caracteres avaliados foram: massa média dos frutos (MF), obtida pela média da massa total dos frutos de cada genótipo, com o auxílio de uma balança semi-analítica e expressa em g; comprimento do fruto (CF), foi mensurada a região longitudinal dos frutos com o auxílio de um paquímetro digital e expresso em mm; diâmetro transversal do fruto (DF), foi determinado o comprimento da região equatorial dos frutos com o uso de um paquímetro digital e expresso em mm; relação comprimento e diâmetro (C/D), foi obtida por meio da razão entre o comprimento e o diâmetro do fruto; massa da polpa (MP), obtida pela massa do fruto sem a placenta, com o auxílio de uma balança semi-analítica e expressa em g; massa fresca da placenta (MPlac) consiste na região onde se concentram as sementes e foi determinada com o auxílio de balança semi-analítica; rendimento da polpa (RP) foi calculado através da relação da massa do fruto pela massa da polpa; espessura do endocarpo (EE) consiste na região onde se concentram as

sementes, foi medida a parte da placenta com o auxílio de um paquímetro digital e expresso em mm; espessura do mesocarpo (EM), região que compreende da casca do fruto até o início da polpa, foi medido com o auxílio do paquímetro digital e expresso em mm; teor de sólidos solúveis (TSS) - foi determinado com auxílio de um refratômetro digital Atago nº 1, sendo os resultados expressos em °Brix; PH, foi medido em solução aquosa contendo 5 g de polpa para 50 ml de água através de pHmetro W3B Bel Engineering.

#### 4.4. Análise dos dados

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), foi realizada uma análise de deviance para testar os efeitos do modelo. A análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

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

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

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

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos, da seguinte forma:

$$\text{LRT: } |-2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{fm}), \text{ onde:}$$

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

As variáveis foram analisadas pelo software Selegen- REML/BLUP (Resende, 2016) que foi utilizado para obter os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos individuais por meio do melhor preditor linear não-viesado (BLUP). O modelo estatístico tem como sua representação matricial  $y = Xr + Zg + Wp + e$ , em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela, e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Segundo Resende (2000), as soluções para as equações de modelos mistos devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, da seguinte forma:

- Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

- Variância genética aditiva;

$$\sigma_a^2 = [\hat{a}'A_a^{-1} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})]/q$$

- Variância residual;

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{b}x'y - \hat{a}Z'y]/[N - R(x)]$$

Onde:

- $\text{tr}$ : é o operador de traço;
- $r(x)$ : posto da matrix x;
- N,q: Número total de dados e número total de indivíduos, respectivamente.

- $C^{22}$ , advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}$$

- C: Matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;

- Estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos;

$$PEV = \text{Var}(a - \hat{a}) = C^{22}/\sigma_e^2 = (1 - r_{\hat{a}a}^2)/\sigma_a^2$$

- Acurácia da predição dos valores genéticos;

$$R_{\hat{a}a}^2 = [1 - PEV/\sigma_a^2]^{1/2}$$

Com o procedimento REML/BLUP os indivíduos foram ranqueados de acordo com os valores genotípicos encontrados para cada característica. A partir destes valores foi aplicada a seleção dos 30 melhores indivíduos para cada característica.

Após a seleção dos melhores indivíduos com base nas características fenotípicas mais viáveis ao programa de melhoramento da goiabeira, optou-se pelo uso das informações dos genitores de cada um dos 30 indivíduos selecionados dentro das famílias para verificar se houve ganho nas

características avaliadas das progênies em relação aos seus genitores para essas características.

Com as informações das características agronômicas, foi obtida a matriz de distância com base na distância euclidiana média.

$$d_{ii} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

Com a matriz de distância, foi feita a construção do dendrograma pelo método UPGMA (UnweightedPair-GroupMethodusingArithmeticAverages). Todas as análises foram feitas com o auxílio do programa R (<http://www.r-project.org>).

A partir das médias corrigidas obtidas pelo procedimento BLUP, as correlações genéticas foram estimadas pelo software Selegen - REML/BLUP (Resende, 2002) com base nos valores genotípicos (u + g) entre as características avaliadas no experimento (Resende, 2016).

Também foi realizada uma análise de trilha com base na matriz de correlações genéticas, via software GENES. Considerou-se uma cadeia para a realização do diagrama causal na decomposição das relações genéticas entre a característica massa do fruto (MF), considerada como a variável principal, e as demais características como variáveis explicativas.

Para a seleção entre progênies, os índices de seleção multiplicativo (IM) e com base na média de postos ou Mulamba rank (MR), construídos a partir da metodologia REML/BLUP foram utilizados e são sucintamente apresentados a seguir:

$$IM = (VGvar1) \times (VGvar2) \times (VGvar3)$$

$$MR = (rVGvar1) + (rVGvar2) + (rVGvar3)$$

Em que: VG = valor genotípico predito; r = posto do genótipo. Foram estimados os ganhos genéticos obtidos pelos índices de seleção.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Estimativas de parâmetros genéticos

Os resultados demonstram a existência de diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade para as características de massa do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, relação comprimento/diâmetro, massa da placenta, espessuras do endocarpo e mesocarpo, massa da polpa e PH (Tabela 2), indicando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o que possibilita o sucesso na seleção de genótipos superiores com base nestes caracteres.

Para as características massa da placenta e espessura do endocarpo houve diferença significativa para efeito de parcela, indicando que há variabilidade genética significativa dentro da parcela para tais caracteres.

Na Tabela 3 são apresentados os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados via REML para as famílias de irmãos-completos avaliadas neste experimento.

Neste experimento, os maiores valores estimados de variância genotípica são referentes aos caracteres massa do fruto (MF), massa da polpa (MP), massa da placenta (MPla) e comprimento do fruto (CF), com valores de 1517,16, 1034,92, 51,84 e 37,67, respectivamente (Tabela 3). Isto mostra que existe alta variância genética a ser explorada pela seleção através destes caracteres. A estimativa da variância genética ( $\sigma_g^2$ ), quando apresenta valores positivos e diferentes de zero, indica a existência de variabilidade entre as progênes devido

ao genótipo e, conseqüentemente, a possibilidade de seleção de indivíduos superiores para cada característica avaliada. Os menores valores de variância genotípica estão relacionados às características rendimento de polpa (RP), teor de sólidos solúveis (TSS), PH e relação comprimento/diâmetro do fruto (RC/D), com valores variando de 0,64 (RP) a 0,0016 (PH). Neste caso, é possível afirmar que os ganhos genéticos associados à seleção destas características também são baixos, pois a grande maioria da variância encontrada para estas características é de origem ambiental, resultando em valores de herdabilidade baixos.

**Tabela 2.** Estimativas de deviance para características morfoagronômicas de progênies de irmãos-completos de goiabeira (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2018).

Efeito	Massa do fruto		Comprimento		Diâmetro	
	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )
Genótipo	1468,40	13,59*	863,60	12,79*	737,68	16,09*
Parcela	1456,58	1,77 <sup>ns</sup>	851,25	0,44 <sup>ns</sup>	723,35	1,76 <sup>ns</sup>
Modelo completo	1454,81		850,81		721,59	
Efeito	Relação C/D		Massa da Placenta		Rend. Polpa	
	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )
Genótipo	-621,04	4,19*	947,41	7,88*	553,88	0,18 <sup>ns</sup>
Parcela	-624,61	0,62 <sup>ns</sup>	944,16	4,63*	555,69	1,99 <sup>ns</sup>
Modelo completo	-625,23		939,53		553,70	
Efeito	Esp. Endocarpo		Esp. Mesocarpo		Massa da Polpa	
	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )
Genótipo	660,61	9,92*	363,46	10,5*	1418,77	13,81*
Parcela	651,68	0,99*	353,40	0,44 <sup>ns</sup>	1406,07	1,11 <sup>ns</sup>
Modelo completo	650,69		352,96		1404,96	
Efeito	T. sól. solúveis		PH			
	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )	Deviance	LRT ( $\chi^2$ )		
Genótipo	395,07	0	-275,50	4,54*		
Parcela	396,55	1,48 <sup>ns</sup>	-276,60	3,44 <sup>ns</sup>		
Modelo completo	395,07		-280,04			

\* significativo a 5 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT( $\chi^2$ ): teste de razão de verossimilhança.

**Tabela 3.** Estimativas dos componentes da variância genotípica entre as famílias de irmãos-completos ( $\sigma_g^2$ ), variância residual dentro da parcela ( $\sigma_{dentro}^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ), herdabilidade com base na média das famílias ( $h_{mp}^2$ ), acurácia de seleção das famílias (*Acprog*) e média geral das características obtidos por meio do procedimento REML para onze características avaliadas em 168 plantas de goiabeira. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

Variáveis	$\sigma_g^2$	$\sigma_{dentro}^2$	$\sigma_f^2$	$h_a^2$	$h_{mp}^2$	<i>Acprog</i>	Média
Massa do fruto	1517,16	2006,52	3523,68	0,861 ± 0,286	0,95	0,97	239,62
Comprimento	37,67	51,27	88,94	0,84 ± 0,284	0,95	0,97	87,48
Diâmetro	17,67	23,59	41,27	0,85 ± 0,285	0,95	0,97	71,53
Relação C/D	0,0016	0,0071	0,0087	0,36 ± 0,187	0,84	0,92	1,23
Massa da placenta	51,84	91,31	143,16	0,72 ± 0,262	0,93	0,97	47,09
Rend. polpa	0,64	9,52	10,16	0,12 ± 0,109	0,62	0,78	80,17
Esp. endocarpo	7,16	15,70	22,85	0,62 ± 0,244	0,92	0,96	43,85
Esp. mesocarpo	1,04	2,59	3,63	0,57 ± 0,233	0,91	0,95	13,65
Massa da polpa	1034,92	1484,05	2518,98	0,82 ± 0,279	0,94	0,97	192,43
T. Sól. Solúveis	0,01	3,78	3,79	0,003 ± 0,017	0,04	0,19	15,88
PH	0,02	0,06	0,08	0,53 ± 0,224	0,90	0,95	3,61

Quanto à variância fenotípica estimada, os maiores valores foram encontrados para as características massa do fruto, massa da polpa e massa da placenta (3523,68; 2518,98 e 143,16, respectivamente). Os mais baixos valores de variação fenotípica, como verificados nos caracteres relação C/D (0,0087) e pH (0,08), podem ou não indicar um baixo efeito ambiental sobre estes, dependendo neste caso da herdabilidade e da acurácia seletiva estimados para os mesmos.

Torna-se de grande importância, ao objetivar-se a seleção de indivíduos, que a variação fenotípica seja composta em maior parte por variações provenientes do genótipo dos candidatos à seleção, contribuindo assim para maiores valores estimados de herdabilidade do caráter. A respeito dessas estimativas, os valores obtidos para a herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ) variaram de 0,861 a 0,003. As mais altas estimativas de herdabilidade individual obtidas nesta pesquisa para os caracteres massa do fruto (MF), diâmetro do fruto (DF) e comprimento do fruto (CF) e massa da polpa (MP)

(0,861, 0,85, 0,84 e 0,82, respectivamente) indicam que a seleção individual baseada nestes caracteres pode ser bem sucedida. Ao serem considerados os valores estimados de herdabilidade com base na média das famílias ( $h^2_{mp}$ ), estes valores se mostram superiores em relação a  $h^2_a$  dos mesmos caracteres (0,95, 0,95, 0,95 e 0,94, respectivamente para MF, DF, CF e MP). Além disso, os caracteres PH e espessura do mesocarpo (EM) apresentaram algumas das maiores estimativas de herdabilidade com base na média das famílias (0,90 e 0,91, respectivamente), apesar de seus valores intermediários de herdabilidade individual em relação aos demais (0,53 e 0,57). Altas estimativas de herdabilidade individual e de herdabilidade com base na média das famílias indicam a aplicabilidade tanto da seleção individual como da seleção entre famílias nestes caracteres, porém, para os caracteres pH e espessura do mesocarpo, devido aos seus baixos valores relativos de herdabilidade individual, indica-se apenas a seleção entre famílias.

De acordo com Cruz (2005), os valores estimados de herdabilidade informam sobre a correlação entre o valor fenotípico e o genotípico, de forma que as diferenças mensuradas entre os indivíduos traduzirão as verdadeiras diferenças genéticas e garantirão, portanto, o sucesso da estratégia de seleção que estiver sendo adotada. Isto evidencia a importância de se realizar a seleção de genótipos baseada no seu valor genotípico predito ao invés do simples fenótipo mensurado.

Ao avaliar a variabilidade genética e estimar o progresso genético de famílias de irmãos-completos de goiabeira, onde entre elas estão os genótipos usados como parentais das progênies da presente pesquisa, Paiva et. al (2016) encontrou coeficientes de herdabilidade em relação à média das progênies que variaram de 0,69 a 0,95, onde a espessura do mesocarpo apresentou o maior valor (0,95) juntamente com a relação entre o comprimento do fruto e o diâmetro do fruto (0,90). E sua característica avaliada de maior interesse econômico, produção de frutos por planta, apresentou um alto coeficiente de herdabilidade com base na média das progênies (0,81). Já na presente pesquisa, os caracteres de maior importância econômica para a cultura foram a massa de fruto e massa da polpa os quais apresentaram altos valores de herdabilidade com base na média de progênies (0,95 para MF e 0,94 para MP). Os coeficientes de herdabilidade com base na média das famílias para caracteres como espessura

do mesocarpo, massa da polpa e a relação C/D do fruto, também foram superiores em relação à herdabilidade individual, porém os valores de herdabilidade individual destes caracteres se mantiveram abaixo dos valores estimados nesta pesquisa e variaram de 0,073 para a EM a 0,2635 para a relação C/D.

Os mais baixos valores estimados de herdabilidade individual e baseada na média das famílias, referentes aos caracteres TSS e RP, estão relacionados aos baixos valores de variância genética associados aos seus altos valores relativos de variância fenotípica. Estes caracteres apresentaram baixos valores principalmente de herdabilidade individual. Em geral, o uso de procedimentos de seleção baseados em modelos mistos é justificado mesmo com características de baixa hereditariedade, desde que haja variância genética envolvida, porém para estas citadas características, as estimativas de variância genética foram baixas e conseqüentemente, os genótipos apresentam baixo potencial para seleção a partir das mesmas.

Neste experimento, os valores de acurácia seletiva variaram de muito alta a baixa em magnitude (0,97 a 0,19), segundo Resende e Duarte (2007) (Tabela 3). As maiores estimativas foram obtidas para DF, MP, CF e MF (todas com estimativas de 0,97), enquanto as estimativas de menor magnitude foram para as características TSS e RP (0,19 e 0,78, respectivamente). É possível inferir com base na acurácia seletiva estimada para as características citadas, que os valores genéticos preditos apresentam alta precisão e alta correlação com os valores genéticos verdadeiros dos genótipos candidatos à seleção. Resende e Duarte (2007) relatam que este fator de confiabilidade é função do coeficiente de determinação genotípica associado ao caráter em avaliação, o que corresponde ao coeficiente de herdabilidade, num processo de seleção intrapopulacional. Uma vez que a acurácia é uma medida associada à precisão na seleção, esta se torna o principal elemento de progresso genético que pode ser alterado pelos melhoristas para maximizar o ganho genético (Viana e Resende, 2014).

Foram avaliadas por Quintal et al. (2017) 17 famílias de irmãos-completos de goiabeira segregantes seguindo o delineamento experimental de blocos casualizados, onde foram mensuradas as características massa do fruto (MF), espessura do mesocarpo (EM), rendimento de polpa (RP), produção de frutos (PF), teor de sólidos solúveis (TSS), pH, acidez do fruto (AF) e teor de vitamina C

(VitC). Os autores obtiveram alta acurácia para caracteres como MF (0,82), RP (0,84), PT (0,75), TSS (0,86) e VitC (0,89), características diferentes das altas estimativas de acurácia para o presente experimento, exceto o caráter MF, com alta estimativa em ambos os experimentos. Santos et al. (2015) afirma que as variáveis com altos valores de acurácia indicam controle genético na expressão do caráter, além de indicarem boa precisão para os resultados obtidos. Portanto, valores de acurácia maiores que 0,70 podem indicar inferências precisas sobre o valor genético das progênes, enquanto baixos valores de acurácia geralmente estão relacionados a baixas estimativas de herdabilidade do caráter, porém é necessário destacar que apenas a característica TSS, neste experimento, apresentou valor de acurácia abaixo de 0,70.

Nos programas de melhoramento genético se faz necessária a utilização de metodologias específicas que traduzam de maneira acurada a herdabilidade dos futuros genitores a serem selecionados, resultando em plantas sucessoras produtivas e que obtenham qualidade padrão de frutos dos genitores. Portanto, a metodologia REML/BLUP se mostrou eficiente em estimar estes parâmetros e em prever os valores genéticos no programa de melhoramento para seleção de famílias de irmãos-completos de goiabeira, ao apresentar parâmetros notadamente positivos e acurados para esse propósito.

## **5.2 Seleção dentro de famílias**

Para fins de seleção, os 30 melhores indivíduos foram ranqueados para todas as características analisadas isoladamente entre os 168 indivíduos utilizados nesta avaliação, correspondendo a 17,85% do total de genótipos.

Os ganhos genéticos foram preditos e as novas médias estimadas foram maiores ou menores, dependendo do tipo de ganho visado no momento da seleção dos indivíduos em relação à média geral das características. Detalhes estão apresentados na Tabela 4.

Os ganhos genéticos estimados pelo BLUP são equivalentes à média dos valores genéticos preditos para os genótipos selecionados, e a nova média se refere à média geral da característica somada ao ganho, resultando em um aumento da média da população para a referida característica (Santos et al. 2015).

Ao comparar a média dos 30 indivíduos selecionados com a média geral da população, as melhores estimações médias de ganho genético foram observadas para MP (40,65%) e MF (39,90%). Outras características que apresentaram predições médias de ganhos positivos foram EM (15,39%), CF (17,21%), e DF (13,14%). O restante das características avaliadas neste experimento apresentou variações de ganho genético predito em menor magnitude, estas predições variaram de 5,69% para a relação C/D a -0,31% para a Mplac em média. No entanto, torna-se necessário atentar que o número de plantas avaliadas neste experimento (168) em relação ao número total de plantas em campo (253), ainda não representa um número ideal para a obtenção de melhores estimativas de parâmetros genéticos importantes para a população, como os estimados nesta pesquisa.

Esta pesquisa possui entre seus objetivos, verificar entre as famílias e dentro das mesmas, a presença de genótipos promissores para características relacionadas à qualidade do fruto e associadas à produção, ou seja, tornando prioritários os ganhos em características que obtiveram os mais altos valores de variância genética, herdabilidade e conseqüentemente ótima acurácia para seleção de indivíduos com precisão e obtenção de maiores ganhos, como ocorreu nas características MF e MP. A seleção de indivíduos com maior MF é interessante e pode permitir ganhos na produção, uma vez que a característica tem uma correlação direta e positiva com o tamanho do fruto e, conseqüentemente, com a produção.

**Tabela 4.** Novas médias preditas e ganho genético estimados via REML/BLUP de 168 indivíduos provenientes de 11 famílias de irmãos-completos para onze caracteres morfoagronômicos (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2017)

Ord.	Massa do fruto (g)		Comprimento (mm)		Diâmetro (mm)		Relação C/D		Massa da Placenta (g)		Rend. Polpa (%)	
	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)
1	371,47 (165)	55,02	111,68(60)	27,66	83,87(60)	17,24	1,32(125)	7,88	45,7(154)	-2,95	81,35(50)	1,48
2	371,43 (60)	55,01	108,91(59)	24,49	83,25(59)	16,37	1,32(123)	7,51	45,81(153)	-2,72	81,26(59)	1,36
3	366,89 (147)	53,11	107,1(61)	22,42	83,01(165)	16,04	1,31(58)	7,10	45,91(35)	-2,50	81,22(69)	1,31
4	362,96 (117)	51,47	106,14 (127)	21,32	82,88(19)	15,87	1,31(60)	6,80	46,01(102)	-2,28	81,18(55)	1,26
5	357,04 (122)	49,00	105,52(18)	20,62	82,74(28)	15,66	1,31(61)	6,62	46,11(146)	-2,08	81,15(68)	1,23
6	352,91 (76)	47,28	105,04 (122)	20,06	82,5(117)	15,33	1,31(153)	6,49	46,2(103)	-1,88	81,13(121)	1,20
7	349,29 (124)	45,77	104,52 (83)	19,47	82,33(147)	15,08	1,3(1)	6,36	46,29(37)	-1,70	81,12(58)	1,18
8	346,55 (19)	44,62	104,09 (165)	18,98	82,11(45)	14,79	1,3(71)	6,26	46,37(38)	-1,53	81,1(165)	1,16
9	344,14 (83)	43,62	103,69 (76)	18,53	81,92(76)	14,52	1,3(122)	6,15	46,45(150)	-1,35	81,09(127)	1,15
10	341,88 (148)	42,68	103,32 (98)	18,10	81,76(124)	14,29	1,3(59)	6,03	46,53(11)	-1,18	81,08(56)	1,13
11	339,98 (59)	41,88	102,93 (15)	17,66	81,58(4)	14,04	1,3(73)	5,93	46,61(86)	-1,02	81,07(53)	1,12
12	337,92 (4)	41,02	102,6 (147)	17,28	81,4(148)	13,79	1,3(18)	5,83	46,69(151)	-0,85	81,06(117)	1,11
13	336,15 (127)	40,29	102,31 (29)	16,95	81,24(94)	13,56	1,3(103)	5,74	46,76(128)	-0,69	81,05(164)	1,10
14	334,62 (28)	39,65	102,06 (4)	16,66	81,05(96)	13,29	1,3(3)	5,65	46,84(145)	-0,52	81,04(120)	1,09

**Tabela 4.Cont.**

Ord.	Massa do fruto (g)		Comprimento (mm)		Diâmetro (mm)		Relação C/D		Massa da Placenta (g)		Rend. Polpa (%)	
	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)
15	332,62 (17)	38,81	101,81(71)	16,38	80,85(122)	13,03	1,29(127)	5,56	46,92(152)	-0,36	81,03(163)	1,07
16	330,75 (61)	38,03	101,59(125)	16,12	80,68(57)	12,78	1,29(121)	5,47	47(43)	-0,19	81,02(52)	1,06
17	328,91 (56)	37,26	101,39(117)	15,89	80,52(83)	12,56	1,29(120)	5,39	47,08(40)	-0,03	81,01(62)	1,05
18	327,16 (96)	36,53	101,19(5)	15,66	80,37(61)	12,35	1,29(5)	5,30	47,16(104)	0,14	81(60)	1,04
19	325,57 (45)	35,87	101,01(1)	15,46	80,22(17)	12,14	1,29(150)	5,23	47,23(131)	0,31	80,99(125)	1,03
20	324,13 (94)	35,27	100,8(124)	15,22	80,08(56)	11,94	1,29(166)	5,16	47,31(36)	0,48	80,99(131)	1,02
21	322,76 (98)	34,69	100,61(123)	15,00	79,95(108)	11,76	1,29(33)	5,09	47,39(101)	0,64	80,98(65)	1,01
22	321,44 (29)	34,14	100,42(58)	14,79	79,8(15)	11,56	1,29(63)	5,03	47,46(110)	0,80	80,97(133)	1,01
23	320,15 (18)	33,61	100,25(6)	14,59	79,65(72)	11,35	1,29(22)	4,96	47,54(74)	0,95	80,97(67)	1,00
24	318,96 (57)	33,11	100,09(17)	14,41	79,52(6)	11,16	1,29(31)	4,89	47,61(133)	1,11	80,96(54)	0,99
25	317,84 (5)	32,64	99,92(121)	14,21	79,39(107)	10,99	1,29(6)	4,83	47,68(26)	1,27	80,96(119)	0,98
26	316,77 (120)	32,19	99,76(120)	14,03	79,27(55)	10,82	1,28(56)	4,77	47,76(31)	1,42	80,95(129)	0,97
27	315,74 (15)	31,77	99,6(82)	13,85	79,16(95)	10,66	1,28(70)	4,72	47,83(50)	1,58	80,94(28)	0,97
28	314,73 (6)	31,34	99,45(56)	13,68	79,06(141)	10,52	1,28(78)	4,67	47,91(100)	1,74	80,94(122)	0,96
29	313,7 (69)	30,92	99,26(22)	13,46	78,95(30)	10,37	1,28(34)	4,62	47,98(39)	1,90	80,93(79)	0,95
30	312,73 (121)	30,51	99,08(69)	13,26	78,85(5)	10,23	1,28(139)	4,57	48,06(20)	2,05	80,92(63)	0,94

**Tabela 4.Cont.**

Ord.	Esp Endocarpo (mm)		Esp. Mesocarpo (mm)		Massa da Polpa (g)		T. sól. solúveis (°brix)		PH	
	Nv. média	Ganho (%)	Nv. média	Ganho (%)	Nv. média	Ganho (%)	Nv. média	Ganho (%)	Nv. média	Ganho (%)
1	43,32(35)	-1,20	16,54(60)	21,17	302,89(165)	57,40	15,9(13)	0,15	3,63 (124)	0,540
2	43,37(153)	-1,09	16,46(50)	20,62	300,73(60)	56,28	15,9(139)	0,14	3,63 (3)	0,606
3	43,41(102)	-0,99	16,35(148)	19,84	295,67(117)	53,65	15,9(9)	0,14	3,64 (81)	0,656
4	43,45(154)	-0,90	16,25(28)	19,11	292,46(147)	51,98	15,9(14)	0,14	3,64 (52)	0,706
5	43,5(103)	-0,80	16,16(147)	18,41	287,96(59)	49,64	15,9(138)	0,14	3,64 (83)	0,753
6	43,53(37)	-0,72	16,09(59)	17,91	284,69(122)	47,94	15,9(140)	0,14	3,64 (16)	0,803
7	43,57(151)	-0,64	16,04(117)	17,54	282,32(76)	46,71	15,9(168)	0,13	3,64 (57)	0,850
8	43,6(43)	-0,56	15,99(121)	17,19	280,37(19)	45,70	15,9(74)	0,13	3,64 (119)	0,900
9	43,64(104)	-0,48	15,96(94)	16,92	278,5(148)	44,73	15,9(68)	0,13	3,65 (53)	0,947
10	43,67(146)	-0,41	15,91(165)	16,58	276,7(28)	43,79	15,9(77)	0,13	3,65 (55)	0,997
11	43,7(38)	-0,33	15,86(76)	16,24	274,97(127)	42,89	15,9(75)	0,13	3,65 (12)	1,044
12	43,73(31)	-0,26	15,82(95)	15,92	272,84(83)	41,78	15,9(8)	0,13	3,65 (51)	1,091
13	43,76(128)	-0,19	15,78(19)	15,62	270,93(124)	40,79	15,9(12)	0,12	3,65 (123)	1,138
14	43,8(145)	-0,12	15,74(61)	15,33	269,27(56)	39,93	15,9(132)	0,12	3,65 (122)	1,185
15	43,83(152)	-0,05	15,7(68)	15,06	267,77(17)	39,15	15,9(129)	0,12	3,66 (82)	1,232
16	43,86(36)	0,02	15,67(69)	14,80	266,34(94)	38,41	15,9(11)	0,12	3,66 (61)	1,279
17	43,89(11)	0,09	15,63(53)	14,57	264,98(29)	37,70	15,9(66)	0,12	3,66 (118)	1,326
18	43,92(26)	0,16	15,6(17)	14,32	263,72(61)	37,04	15,9(137)	0,12	3,66 (50)	1,373
19	43,95(42)	0,23	15,56(58)	14,05	262,5(96)	36,41	15,9(79)	0,12	3,66 (163)	1,418
20	43,98(150)	0,30	15,53(120)	13,80	261,38(4)	35,83	15,9(10)	0,12	3,66 (85)	1,462

Continuação **Tabela 4.**

Ord.	Esp Endocarpo (mm)		Esp. Mesocarpo (mm)		Massa da Polpa (g)		T. sól. solúveis (°brix)		PH	
	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)	Média	Ganho (%)
21	44,01(8)	0,36	15,5(122)	13,57	260,33(121)	35,28	15,9(127)	0,12	3,67 (29)	1,503
22	44,04(133)	0,43	15,47(98)	13,36	259,36(120)	34,78	15,9(67)	0,12	3,67 (125)	1,548
23	44,06(159)	0,49	15,44(119)	13,14	258,45(98)	34,31	15,9(130)	0,12	3,67 (15)	1,589
24	44,09(78)	0,55	15,41(96)	12,94	257,59(69)	33,86	15,9(131)	0,12	3,67 (38)	1,631
25	44,12(149)	0,62	15,39(159)	12,75	256,71(18)	33,40	15,9(62)	0,11	3,67 (136)	1,675
26	44,15(156)	0,68	15,36(162)	12,56	255,79(45)	32,92	15,9(78)	0,11	3,67 (120)	1,717
27	44,17(23)	0,74	15,33(30)	12,36	254,9(5)	32,46	15,9(64)	0,11	3,68 (162)	1,758
28	44,2(86)	0,80	15,31(163)	12,18	253,99(57)	31,99	15,9(133)	0,11	3,68 (28)	1,800
29	44,23(40)	0,87	15,29(118)	12,01	253,13(6)	31,54	15,9(69)	0,11	3,68 (58)	1,838
30	44,26(101)	0,93	15,26(83)	11,85	252,24(15)	31,08	15,9(7)	0,11	3,68 (60)	1,880

As altas estimativas de herdabilidade e precisão seletiva favoreceram um alto percentual de ganho genético para as características massa de fruto e massa da polpa. Os cruzamentos divergentes avaliados no presente estudo originaram populações com variabilidade genética, fato que contribuiu na obtenção de altas estimativas de herdabilidade, o que, por sua vez, possivelmente favoreceu a obtenção desse ganho genético.

Em relação à MF e MP, o indivíduo 165 obteve a melhor média para as duas características simultaneamente (371,47 g para MF e 302,89 g para MP), permitindo uma adição às médias gerais de 131,85 g e 110,46 g (55,02 % e 57,40%) respectivamente para tais caracteres (Tabela 3). Um fator de destaque na seleção destas características foi que, dos 30 indivíduos selecionados para MP, todos os indivíduos estão presentes no grupo de indivíduos selecionados para MF, embora a ordem não tenha sido a mesma. Isto garante que nesta seleção haja ganhos simultâneos para as duas características.

Considerando o teor de sólidos solúveis (TSS), o valor médio de °Brix encontrado neste estudo foi superior aos valores máximos encontrados por Quintal et al. (2017); isto é, acima dos 9,50 °Brix. Neste experimento, o TSS não apresentou variação genética (0,1), permanecendo em 15,9 para os 30 genótipos selecionados. Vale destacar que, embora a seleção seja feita com base nas características MF e MP, os caracteres TSS e PH ainda assim são de imprescindível importância para a qualidade do fruto. Entre os 30 genótipos selecionados com base na MF e na MP, a variação de 18,10 °Brix a 11,64 se mostrou positiva, apresentando também valores considerados altos para TSS, importante para a qualidade e aceitação dos frutos, porém, devido à baixa estimativa de variância genética, deve-se inferir que esta variação é de origem ambiental.

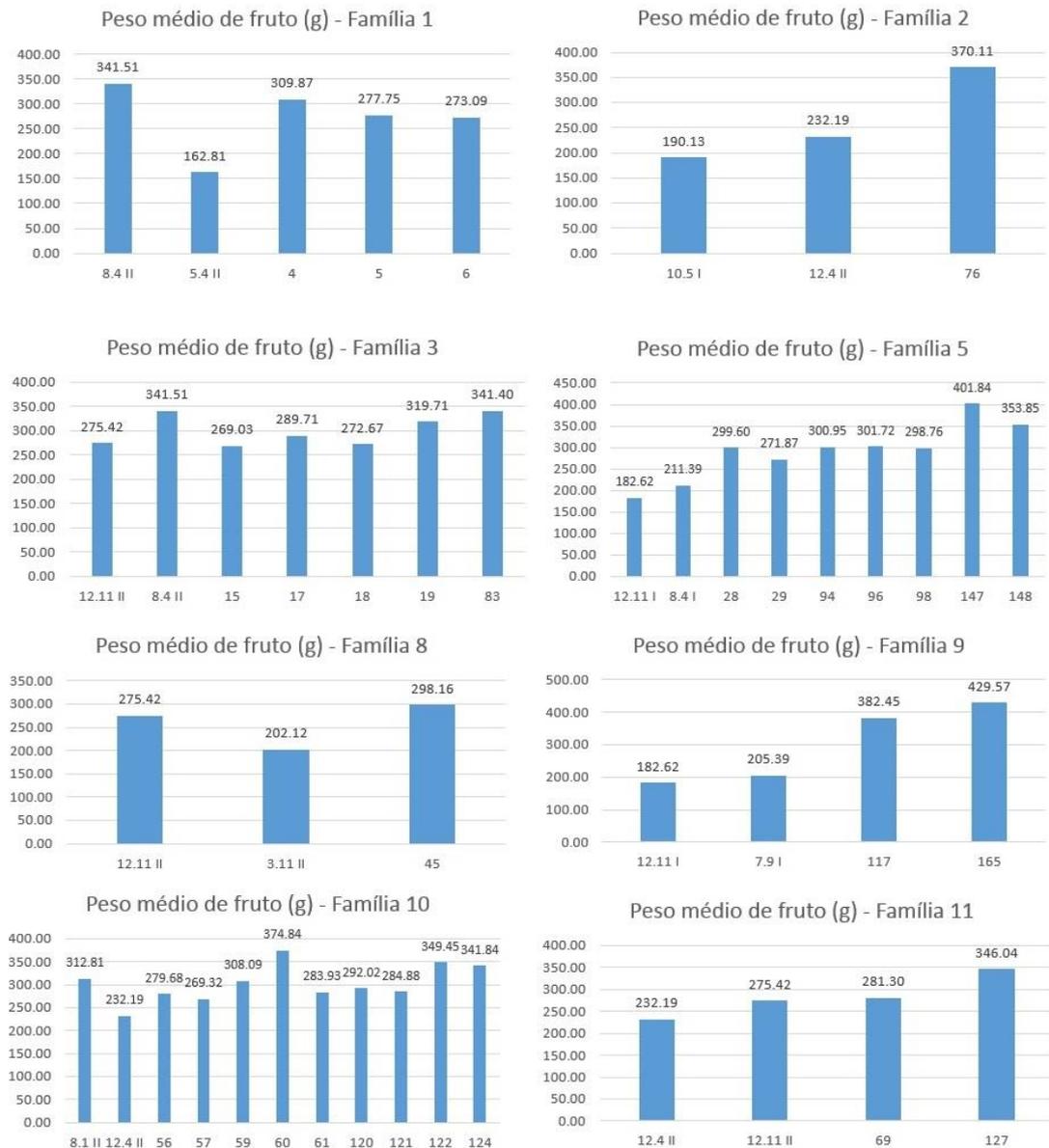
Quanto ao PH, os valores obtidos para a característica neste experimento estão dentro do intervalo citado por Yusof (1990) para várias variedades de goiaba sendo ideal para consumo fresco. Os valores de pH superiores a 3,5 sugerem a necessidade de adicionar ácidos orgânicos comestíveis durante o processamento da fruta para fornecer melhor qualidade do produto final industrializado.

### 5.3 Divergência entre Genitores e famílias

A comparação dos valores fenotípicos dos genótipos selecionados para massa média de frutos com seus respectivos genitores pode ser vista na Figura 2. Para a Família 1, 3 genótipos se posicionaram entre os 30 selecionados com base nos critérios de seleção adotados, estes mantiveram o peso médio de fruto superior à média dos pais, porém abaixo do desempenho do melhor genitor, cujo peso médio de frutos foi de 341,51 g.

Já com média superior a ambos os genitores, na família 2 tem-se o genótipo 76, com média de 370,11 g, a qual foi muito superior às do P1 e P2, sendo o único da família a estar entre os 30 selecionados. Na Família 3 o P2 apresentou média de peso de fruto elevada (341,51 g) superando os indivíduos selecionados. Esta família contribuiu com 5 indivíduos entre os selecionados, onde 3 destes foram superiores ao P1, com destaque para o indivíduo 83, com média bem próxima ao P2 (341,40 g). A Família 5, por sua vez, contou com genótipos de elevada média, as quais foram superiores quando comparadas aos dois genitores, além de ter contribuído com 7 indivíduos entre os 30 selecionados, sendo o destaque desta família o genótipo 147, com média de 401,84 g. Para a Família 8, foi selecionado apenas um indivíduo, o 45, tendo este apresentado média superior aos dois genitores. Na Família 9, somente 2 genótipos (117 e 165) foram selecionados, tendo os dois apresentado, também, média superior aos dois genitores, com destaque para o indivíduo 165 (429,57 g), que obteve melhores médias de MF e MP das avaliadas nesta pesquisa. A Família 10, que merece destaque por ser a que mais contribuiu com indivíduos entre os 30 melhores, com 9 deles, onde todos foram superiores ao P2, e três desses mostraram médias acima dos dois genitores (60, 122 e 124). Com relação à família 11, dois indivíduos foram selecionados, 69 e 127, com médias de 281,30 g e 346,04 g, respectivamente.

Conclui-se, então, que 16 indivíduos (53%) apresentaram médias superiores aos dois genitores, e apenas 2 foram inferiores aos dois genitores, confirmando que a estratégia de seleção via famílias de irmãos-completos, obtidas a partir do cruzamento de indivíduos selecionados nas gerações anteriores é eficiente em gerar ganhos de seleção no programa de melhoramento da goiabeira.

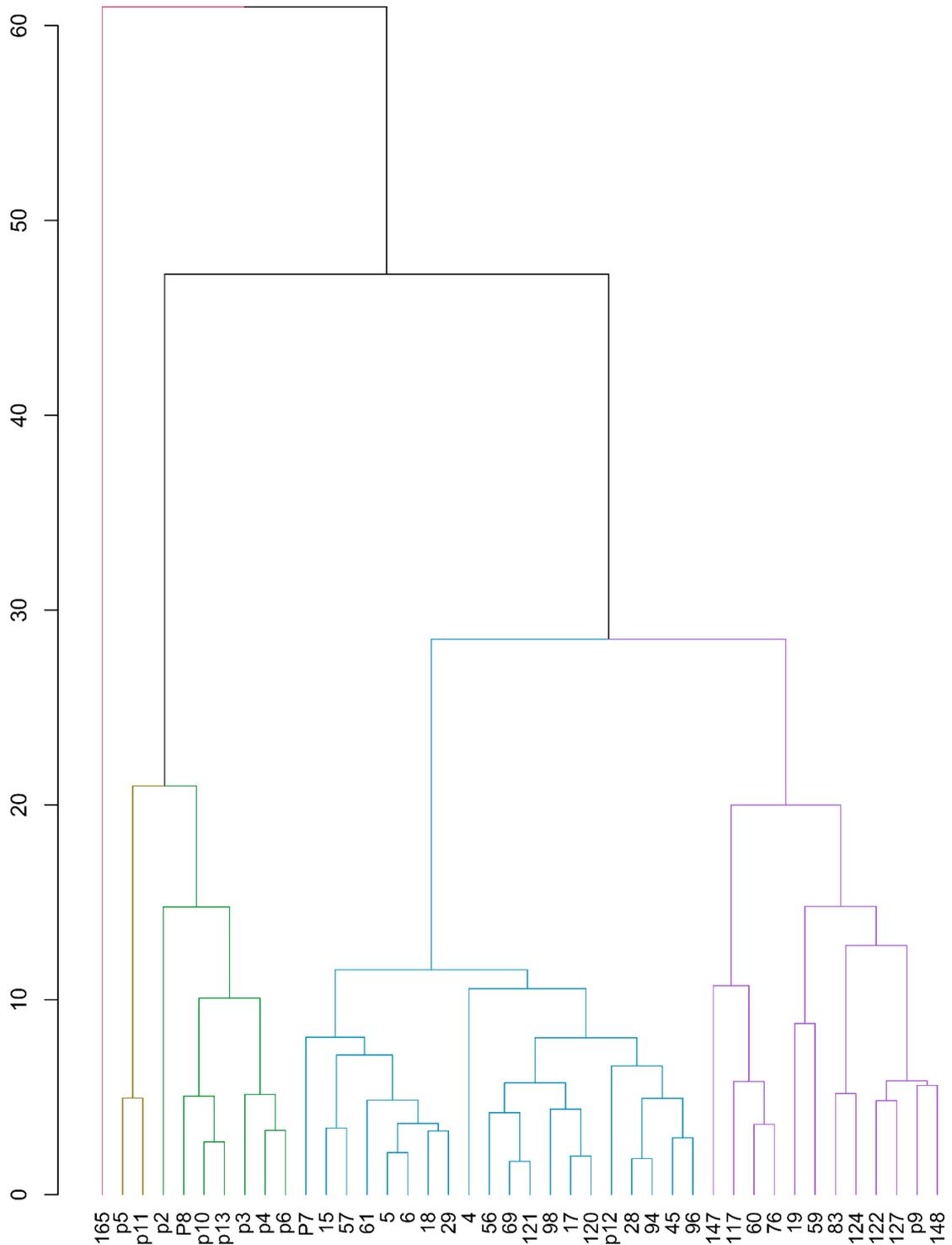


**Figura 2** – Histograma com a comparação dos valores fenotípicos dos genótipos selecionados para peso médio de frutos com seus respectivos genitores.

As famílias 4, 6 e 7 não apresentaram nenhum genótipo selecionado quanto ao peso de frutos, sendo assim serão descartadas na confecção da próxima geração de recombinação para formação de novas famílias de irmãos-completos.

#### 5.4 Divergência genética com base em caracteres morfoagronômicos

No que concerne à divergência genética entre os 30 genótipos selecionados para média de massa de frutos e com a inclusão dos genitores, foram obtidos cinco grupos distintos, conforme a Figura 3.



**Figura 3.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA, a partir da matriz de distância obtida com base na Distância Euclidiana Média para as 11 características avaliadas, com relação aos genótipos de goiaba selecionados.

No Grupo I foi alocado somente o genótipo 165, sendo este o mais divergente geneticamente dos demais, baseado nas 11 características avaliadas, além de ter o melhor desempenho para algumas características importantes, como MF e MP.

Nos Grupos II e III foram alocados somente genitores das famílias de irmãos-completos, p11 e p5 pertencentes ao grupo II e p2, p8, p10, p13, p3, p4 e p6 pertencentes ao grupo III. Tal divergência evidenciada com esta análise entre as famílias de irmãos-completos geradas e avaliadas neste experimento e a geração parental anterior, indica uma possível superioridade das famílias para as características analisadas visto que a distância genética entre estes foi de grande magnitude, e a média das famílias, superior.

O Grupo IV, o maior destes, alocou 20 genótipos, sendo eles apenas 2 parentais, p7 e p12 e dezenove progênies (15, 57, 61, 5, 6, 18, 29, 4, 56, 69, 121,98, 17, 120, 28, 94, 45, 96). Por sua vez, o Grupo V englobou apenas um dos parentais e as progênies (147, 117, 60, 76, 19, 59, 83, 124, 122, 127, 148).

Quanto às duas principais características, MF e MP, que serviram como base para a seleção de indivíduos promissores por apresentarem estimativas de variância genética, herdabilidade e acurácia seletiva altas, além da sua maior relevância para a cultura da goiaba, os grupos se mostraram divergentes em relação às mesmas. Em termos de média, o grupo I apresentou média de 429.57 g e 360.26 g para MF e MP, respectivamente, porém apresenta apenas um indivíduo; o grupo II apresentou médias de 237.72 g e 193.68 g, respectivamente; o grupo III obteve médias de 191.67 g e 148.23 g, respectivamente; o grupo IV, com médias de 287.127 g para MF e 234.05 g para MP e o grupo V apresentou valores de média de 352.59 g para MF e 288.70 g para MP.

Dessa forma, a sugestão seria as hibridações do genótipo 165 pertencente ao Grupo I com os genótipos pertencentes aos grupos IV e V, desde que não sejam da Família 9. Cruzamentos entre os Grupos II e IV, e entre III e V também são recomendados, contanto que os cruzamentos não sejam realizados entre indivíduos provenientes da mesma família.

### 5.5 Análises de correlação e trilha

Os maiores coeficientes de correlação genotípica foram observados entre as características massa do fruto e massa da polpa (0,9969); massa da polpa e diâmetro do fruto (0,9913); e entre massa do fruto e diâmetro do fruto (0,9949), todas essas consideradas altas (Tabela 5). Porém, correlações genotípicas positivas e de menor valor também foram estimadas para outras características relacionadas à qualidade do fruto, como massa da placenta, comprimento do fruto, e espessuras do endocarpo e mesocarpo. Portanto, ganhos correlacionados relativos a essas características citadas serão possíveis de se obter simultaneamente principalmente devido aos altos coeficientes de correlação genotípica estimados para essas e outras relações de características avaliadas neste experimento.

Sendo assim, os valores de correlação citados podem possibilitar que a seleção seja realizada somente com base na massa de fruto, sem a necessidade de avaliação de massa de polpa e diâmetro de frutos que são características de avaliação relativamente mais trabalhosas, visto que são altamente correlacionadas positivamente.

Ainda é necessário destacar que a característica rendimento de polpa apresentou coeficientes de correlação genotípica sempre abaixo de 0,5, ou próximos de zero quando relacionada às outras características, exceto a espessura do mesocarpo; o teor de sólidos solúveis apresentou coeficientes de correlação genética próximos de zero para todas as outras características avaliadas, caracterizando ausência de correlação linear; já para o pH foram estimados coeficientes de correlação genética negativos para quase todas as características avaliadas, exceto para a relação comprimento/diâmetro do fruto (0,0765), ou seja, quanto maiores as medidas relacionadas ao rendimento e tamanho do fruto, menores os valores de pH associados, porém, deve-se ressaltar que neste experimento, a variação genética para a característica pH foi mínima, indicando que a seleção simultânea de famílias com base nas outras características não afetará negativamente os valores de pH destas famílias.

Considerando o teor de sólidos solúveis (TSS), ressalta-se que o valor médio de °Brix encontrado neste estudo foi superior aos valores máximos encontrados por Quintal et al. (2017); isto é, acima dos 9,50 °Brix.

**Tabela 5.** Estimativas de correlação fenotípica e genotípica com base nos valores genéticos preditos de progênies de irmãos-completos de goiabeira quanto aos caracteres massa de fruto (MF), comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), relação entre comprimento e diâmetro do fruto (Rel. C/D), massa da placenta (MPlac), rendimento de polpa (RP), espessura do endocarpo (EE), espessura do mesocarpo (EM), massa da polpa (MP), Teor de sólidos solúveis (TSS) e pH. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

		MF	CF	DF	Rel. C/D	MPlac	RP	EE	EM	MP	TSS	pH
MF	Fenót.	1	0,8339	0,9516	0,0187	0,8083	0,2556	0,7652	0,741	0,9904	-0,0454	-0,3239
	Genot.	1	0,892	0,9949	0,0764	0,9322	0,3665	0,914	0,871	0,9969	0,1727	-0,7806
CF	Fenót.		1	0,7181	0,5346	0,6559	0,2487	0,5604	0,556	0,8302	-0,0209	-0,2165
	Genot.		1	0,8538	0,5124	0,8378	0,33	0,7983	0,6755	0,8887	0,1183	-0,6273
DF	Fenót.			1	-0,2004	0,7826	0,2329	0,8307	0,7226	0,9393	-0,0412	-0,3506
	Genot.			1	-0,008	0,9295	0,3534	0,9245	0,8769	0,9913	0,1862	-0,7824
Rel. C/D	Fenót.				1	-0,0292	0,0737	-0,2132	-0,0924	0,0289	0,0057	0,1269
	Genot.				1	0,0731	0,0593	0,0037	-0,138	0,0771	-0,1178	0,0765
Mplac	Fenót.					1	-0,3387	0,8566	0,3257	0,7193	-0,1062	-0,3633
	Genot.					1	0,0272	0,9669	0,6688	0,9008	0,1741	-0,6399
RP	Fenót.						1	-0,1742	0,6376	0,381	0,0707	0,0041
	Genot.						1	0,0273	0,6973	0,4349	0,1992	-0,597
EE	Fenót.							1	0,291	0,7021	-0,0595	-0,3234
	Genot.							1	0,6435	0,8856	0,212	-0,5741
EM	Fenót.								1	0,798	-0,1038	-0,2638
	Genot.								1	0,9001	0,1773	-0,8852
MP	Fenót.									1	-0,0286	-0,297
	Genot.									1	0,1713	-0,7972
TSS	Fenót.										1	0,2387
	Genot.										1	-0,1486
pH	Fenót.											1
	Genot.											1

Observou-se na Tabela 5, a tendência de os coeficientes de correlação genotípica superarem os de correlação fenotípica, o que demonstra que os fatores genéticos são mais significativos que os de ambiente, na expressão desses caracteres, em goiabeira.

As correlações próximas de zero ou negativas de pequena magnitude como: massa da placenta x rendimento de polpa (0,0272); relação comprimento/diâmetro do fruto x espessura do endocarpo (0,0037); e todas envolvendo o teor de sólidos solúveis e pH (Tabela 5), demonstram que a seleção para esses caracteres na goiabeira, pode ser feita de forma independente e que não há resposta correlacionada significativa. Porém, Cruz et al. (2012) relatam que a seleção baseada em uma única característica se mostra inadequada por conduzir a um produto final superior com relação a essa característica, mas com possibilidade de levar a desempenhos não tão favoráveis nas demais características. Assim, torna-se necessária a adoção de métodos que possam proporcionar combinações de ganhos simultâneos esperados e favoráveis para serem utilizados na avaliação dessas famílias.

**Tabela 6.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis dependentes comprimento do fruto, diâmetro do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, massa da placenta, rendimento de polpa, espessura do endocarpo, espessura do mesocarpo, massa da polpa, teor de sólidos solúveis e PH do fruto na variável principal massa do fruto em goiabeira.

Variável primária	Efeitos	Estimativas
CF	Efeito direto sobre MF	0,12612
	Efeito indireto via DF	0,16897
	Efeito indireto via C/D	-0,00450
	Efeito indireto via Mplac	0,17734
	Efeito indireto via RP	0,01123
	Efeito indireto via EE	0,07159
	Efeito indireto via EM	0,10434
	Efeito indireto via MP	0,25354
	Efeito indireto via TSS	-0,00181
	Efeito indireto via PH	-0,01633
	TOTAL	0,892

**Tabela 6.**Cont.

Variável primária	Efeitos	Estimativas
DF	Efeito direto sobre MF	0,19790
	Efeito indireto via CF	0,10768
	Efeito indireto via C/D	0,00007
	Efeito indireto via Mplac	0,19675
	Efeito indireto via RP	0,01203
	Efeito indireto via EE	0,08291
	Efeito indireto via EM	0,13545
	Efeito indireto via MP	0,28281
	Efeito indireto via TSS	-0,00286
	Efeito indireto via PH	-0,02037
	TOTAL	0,9949
C/D	Efeito direto sobre MF	-0,02952
	Efeito indireto via CF	0,00127
	Efeito indireto via DF	0,00107
	Efeito indireto via Mplac	0,01190
	Efeito indireto via RP	-0,00010
	Efeito indireto via EE	-0,00005
	Efeito indireto via EM	0,01141
	Efeito indireto via MP	0,08167
	Efeito indireto via TSS	0,00000
	Efeito indireto via PH	-0,00126
	TOTAL	0,0764
Mplac	Efeito direto sobre MF	0,21168
	Efeito indireto via CF	0,10566
	Efeito indireto via DF	0,18395
	Efeito indireto via C/D	-0,00064
	Efeito indireto via RP	0,00093
	Efeito indireto via EE	0,08671
	Efeito indireto via EM	0,10331
	Efeito indireto via MP	0,25699
	Efeito indireto via TSS	-0,00267
	Efeito indireto via PH	-0,01666
	TOTAL	0,9322

**Tabela 6.**Cont.

Variável primária	Efeitos	Estimativas
RP	Efeito direto sobre MF	0,03404
	Efeito indireto via CF	0,04162
	Efeito indireto via DF	0,06994
	Efeito indireto via C/D	-0,00052
	Efeito indireto via Mplac	0,00576
	Efeito indireto via EE	0,00245
	Efeito indireto via EM	0,10771
	Efeito indireto via MP	0,12407
	Efeito indireto via TSS	-0,00306
	Efeito indireto via PH	-0,01554
	TOTAL	0,3665
EE	Efeito direto sobre MF	0,08968
	Efeito indireto via CF	0,10068
	Efeito indireto via DF	0,18296
	Efeito indireto via C/D	-0,00003
	Efeito indireto via Mplac	0,20467
	Efeito indireto via RP	0,00093
	Efeito indireto via EM	0,09940
	Efeito indireto via MP	0,25266
	Efeito indireto via TSS	-0,00325
	Efeito indireto via PH	-0,01494
	TOTAL	0,914
EM	Efeito direto sobre MF	0,15446
	Efeito indireto via CF	0,08519
	Efeito indireto via DF	0,17354
	Efeito indireto via C/D	0,00121
	Efeito indireto via Mplac	0,14157
	Efeito indireto via RP	0,02373
	Efeito indireto via EE	0,05771
	Efeito indireto via MP	0,25679
	Efeito indireto via TSS	-0,00272
	Efeito indireto via PH	-0,02304
	TOTAL	0,871

**Tabela 6.**Cont.

Variável primária	Efeitos	Estimativas
MP	Efeito direto sobre MF	0,28529
	Efeito indireto via CF	0,11208
	Efeito indireto via DF	0,19618
	Efeito indireto via C/D	-0,00068
	Efeito indireto via Mplac	0,19068
	Efeito indireto via RP	0,01480
	Efeito indireto via EE	0,07942
	Efeito indireto via EM	0,13903
	Efeito indireto via TSS	-0,00263
	Efeito indireto via PH	-0,02075
	TOTAL	0,9969
TSS	Efeito direto sobre MF	-0,01534
	Efeito indireto via CF	0,01492
	Efeito indireto via DF	0,03685
	Efeito indireto via C/D	0,00103
	Efeito indireto via Mplac	0,03685
	Efeito indireto via RP	0,00678
	Efeito indireto via EE	0,01901
	Efeito indireto via EM	0,02739
	Efeito indireto via MP	0,04887
	Efeito indireto via PH	-0,00387
	TOTAL	0,1727
PH	Efeito direto sobre MF	0,02603
	Efeito indireto via CF	-0,07911
	Efeito indireto via DF	-0,15484
	Efeito indireto via C/D	-0,00067
	Efeito indireto via Mplac	-0,13545
	Efeito indireto via RP	-0,02032
	Efeito indireto via EE	-0,05149
	Efeito indireto via EM	-0,13673
	Efeito indireto via MP	-0,22744
	Efeito indireto via TSS	0,00228
	TOTAL	-0,7806
Coeficiente de determinação		0,9965
Valor de k usado na análise		0,012540
Efeito da variável residual		0,0594

O diagnóstico de multicolinearidade realizado com base nas correlações genéticas indicou colinearidade alta para a análise de trilha realizada, segundo a classificação de Montgomery & Peck (1981); a característica que mais influenciou essa colinearidade alta foi MF, que por ser uma das principais para os objetivos da pesquisa, não pôde ser retirada da análise. Assim, deve-se assumir, de acordo com Coimbra et al. (2005), que estas estimativas podem superestimar os efeitos diretos sobre a variável básica estimados por meio da análise de trilha. Sendo assim, para realizar a análise de trilha, adicionou-se uma constante  $k$  ( $1,25401306152344E-02$ ) à diagonal da matriz de correlação, a fim de reduzir a variância associada ao estimador de mínimos quadrados da análise de trilha.

Pela Tabela 6, verifica-se que o coeficiente de determinação foi de 0,9965 e o efeito residual foi de 0,0594 demonstrando que, em sua quase totalidade, a variável principal MF é explicada pelos componentes primários.

Verificou-se também que o componente primário massa da polpa teve o maior efeito direto (0,2852) sobre a massa do fruto, seguido pelo caráter massa da placenta (0,2116) e diâmetro do fruto (0,1979). A característica MP apresenta o maior efeito direto sobre a variável primária, além de também apresentar efeitos indiretos em menor magnitude e positivos, como é o caso de Mplac (0,1906), DF (0,1961) e EM (0,1390).

Merece destaque também os efeitos indiretos positivos via MP por parte de várias características, como CF (0,2535), DF (0,2828), Mplac (0,2569), EE (0,2526) e EM (0,2567); além do efeito negativo também via MP por parte da característica PH (-0,2274), evidenciando a importância da característica para estas análises.

Outras características também apresentaram alguns efeitos indiretos em menor magnitude via CF e DF, como MP, EM, EE, Mplac. Apenas nas características C/D e TSS observou-se efeito direto negativo sobre a variável primária massa do fruto, porém em magnitudes baixas. Para as outras características, os efeitos diretos e indiretos foram majoritariamente positivos e baixos, tornando a seleção simultânea para essas características ineficazes.

Esses resultados mostram que a seleção direta de progênies com maior massa de fruto pode significar um acréscimo na massa da polpa, juntamente com um pequeno incremento nos caracteres massa da placenta e diâmetro do fruto. No entanto, devido aos efeitos diretos e indiretos baixos, a seleção indireta com

base na característica MF não será eficiente em promover ganhos simultâneos para outras características além de MP, tornando-se necessária a utilização de estratégias com índices de seleção para a obtenção de ganhos simultâneos.

### 5.6 Seleção entre famílias

De acordo com os índices de seleção baseados nos valores genéticos preditos e em termos de estimativa de ganhos, pôde-se observar que para os dois índices aplicados houve ganhos satisfatórios (Tabela 7). Dentre os índices de seleção utilizados, o que possibilitou maiores ganhos por seleção foi índice multiplicativo com um ganho médio de (51,37%), e o índice de rank médio adaptado de Mulamba apresentou 34,09% de ganho.

**Tabela 7.** Ranqueamento das 11 famílias de irmãos-completos de goiabeira com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando o índice multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba para 11 características.

Nº de famílias	Multiplicativo		Rank*	
	Famílias IC	GS (%)	Famílias IC	GS (%)
1	10	95,9059	11	69,2308
2	5	90,195	10	65
3	3	81,6515	9	52,3077
4	1	69,8793	5	44,2623
5	9	58,2154	7	33,6032
6	11	42,631	8	26,5176
7	8	31,069	3	20,6266
8	2	22,0309	1	15,5361
9	7	14,996	2	9,3923
10	4	7,2235	6	4,4304
11	6	0	4	0
Média (%)		51,379		34,090

\* Índice de rank médio adaptado de Mulamba

Nota-se, que o índice multiplicativo permitiu ganhos superiores aos outros índices, Aditivo e Mulamba rank, proporcionando maiores ganhos para a família 10 (95,90%); família 5 (90,19%), família 3 (81,65%) e família 1 (69,87%), ressaltando-se que esses ganhos estão no sentido positivo para as características comprimento e diâmetro do fruto, massa do fruto e da polpa, rendimento de polpa, espessura do mesocarpo, Teor de sólidos solúveis e, em sentido negativo, para espessura do endocarpo, massa da placenta e PH.

De acordo com estes resultados, a seleção entre famílias por meio de modelos mistos via REML/BLUP, baseada no índice multiplicativo é uma estratégia promissora para identificar indivíduos com valores genotípicos superiores, devido ao seu ganho percentual estimado, contribuindo para o avanço no programa de melhoramento genético da goiabeira na instituição.

Já o índice de rank médio adaptado de Mulamba, ou Mulamba rank, apresentou ganhos também promissores para as famílias selecionadas, porém, deve-se destacar que, comparado ao índice multiplicativo, esses ganhos foram inferiores, além do fato de este índice ter apontado um ordenamento das melhores famílias consideravelmente diferente do índice multiplicativo. O índice Mulamba rank apontou ganhos superiores para as famílias 11 (69,23%), 10 (65%), 9 (52,30%), 5 (44,23%) e 7 (33,60%), seguindo os caracteres avaliados, os mesmos sentidos de seleção positivos e negativos.

Estes resultados divergem de trabalhos de pesquisa anteriores com maior tendência a apontar o índice Mulamba rank como o mais promissor em termos de ganhos com a seleção obtidos para outras culturas, como o cafeeiro (Carías et al. (2016)); açaizeiro (Farias Neto et al. (2012) e Teixeira et al. (2012)) e algodoeiro (Resende et al. (2014)).

Portanto, assumindo-se que entre as metodologias testadas, a utilização do índice multiplicativo se mostrou a metodologia mais adequada em termos de ganho genético predito para que se promova uma seleção entre famílias nesta pesquisa, ainda torna-se necessário realizar um paralelo dos indivíduos selecionados, bem como dos ganhos obtidos na seleção entre famílias com os resultados previamente apresentados que objetivaram a seleção individual de plantas ou seleção dentro de famílias.

Quando feito um paralelo da seleção entre famílias, realizada via índice multiplicativo, com a seleção direta de indivíduos com base nos valores genotípicos, é possível identificar semelhanças, pois das 46 plantas selecionadas via índice (13 pertencentes à família 10; 10 pertencentes à família 5; 12 pertencentes à família 3 e 11 pertencentes à família 1), 24 delas estão entre as 30 melhores plantas selecionadas individualmente. As famílias 10, 5, 3 e 1 contribuíram com 83,3% das plantas selecionadas individualmente com base nos critérios de seleção adotados na seleção individual, e apenas 6 não pertencem à essas famílias. A contribuição destas famílias na seleção individual é apresentada

na Tabela 8, onde a família 10 apresentou maior contribuição, com 9 indivíduos (30%), seguida pelas famílias 5, 3 e 1, com 7 (23,33%), 5 (16,67%) e 3 (10%), respectivamente.

**Tabela 8.** Percentual de contribuição das melhores famílias de irmãos-completos de goiabeira selecionada via índice multiplicativo com a seleção de indivíduos dentro de famílias, bem como as médias fenotípicas das mesmas para as 11 características avaliadas.

<b>Família</b>	<b>Contribuição (%)</b>	<b>MF</b>	<b>CF</b>	<b>DF</b>	<b>C/D</b>	<b>Mplac</b>
<b>10</b>	30,00 (9)	284,77	98,30	75,71	1,31	53,20
<b>5</b>	23,33 (7)	293,59	92,01	77,40	1,19	54,73
<b>3</b>	16,67 (5)	275,73	92,90	74,93	1,24	57,03
<b>1</b>	10,00 (3)	251,92	93,07	72,45	1,29	54,06
<b>Média geral</b>		253,86	87,66	73,53	1,20	49,55
<b>Família</b>	<b>RP</b>	<b>EE</b>	<b>EM</b>	<b>MP</b>	<b>TSS</b>	<b>PH</b>
<b>10</b>	81,27	45,14	14,73	231,57	15,70	3,49
<b>5</b>	80,93	47,47	15,19	238,87	16,01	3,52
<b>3</b>	79,24	46,00	14,15	218,69	16,19	3,45
<b>1</b>	78,84	46,79	12,63	197,86	16,41	3,71
<b>Média geral</b>	80,23	45,01	14,38	204,20	13,75	3,458

Em geral, as médias das famílias selecionadas se mostraram superiores para todas as características avaliadas, com algumas exceções a respeito da família 1, que apresentou médias de características como MF, DF, RP, EM e MP inferiores à média geral do experimento, porém, deve-se ressaltar a baixa contribuição dessa família na seleção individual, bem como o potencial das plantas dessa família que foram selecionadas. Também é possível notar, através da Tabela 5, que a família 1 possui a melhor média para a característica TSS, fator positivo para utilização pela indústria, no entanto, a sua média de PH acima de 3,5 sugere uma possível necessidade de adicionar ácidos orgânicos comestíveis durante o processamento da fruta para fornecer melhor qualidade do produto final industrializado (Yusof, 1990).

## 6. CONCLUSÕES

Pelo procedimento estatístico REML/BLUP, somente os caracteres MF, MP, CF, e Mplac apresentaram estimativas de variância genética a serem aproveitadas no processo de seleção de genótipos superiores.

A média da maioria dos indivíduos selecionados superou a média dos seus genitores, confirmando que a estratégia de obtenção de famílias de irmãos-completos foi eficiente em gerar ganhos no processo de melhoramento da goiabeira.

As Famílias 4, 6 e 7 foram consideradas inferiores por não apresentarem nenhum genótipo selecionado quanto à massa de frutos, sendo assim não terão representantes em possíveis novos cruzamentos para formação de novas famílias de irmãos-completos.

A quantificação da divergência, com base nas 11 características avaliadas, agrupou com consistência os genótipos avaliados e permitiu a formação de cinco grupos distintos pelo método UPGMA.

Os genótipos de goiabeira mais divergentes, com base no método UPGMA, devem ser indicados para programas de melhoramento para a obtenção de populações segregantes e, possivelmente de genótipos superiores.

Além dos altos coeficientes de correlação genotípica estimados, foi constatada uma superioridade dos coeficientes de correlação genotípica sobre os de correlação fenotípica.

Devido aos efeitos diretos e indiretos majoritariamente baixos, a seleção indireta com base apenas na característica MF não será eficiente em promover ganhos simultâneos para outras características além de MP.

O índice multiplicativo foi o mais eficiente na seleção de famílias de irmãos-completos de goiabeira, devido às maiores estimativas de ganho com a seleção, o que pode aumentar as chances de sucesso de programas de melhoramento desta cultura.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R. W. (1999) *Principles of plant breeding*. 2. ed. New York: John Wiley & Sons. 254p.
- Alves, R.; Resende, M. D. V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 30, n. 3, p. 696-701
- Azzolini, M.; Jacomino, A. P.; Bron, I. U. (2004) Índices para avaliar qualidade pós-colheita de goiabas em diferentes estádios de maturação. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 39, n. 2, p. 139-145.
- Almeida, L. M.; Viana, A. P.; Gonçalves, G. M.; Entringer, G. C. (2014). Selection of sugar cane full-sib families using mixed models and ISSR markers. *Genetics and molecular research: GMR*, v.13(4), p.92.
- Alves, J.E.; Freitas, B. M. (2007) Requerimentos de polinização da goiabeira. *Ciência Rural*, v.37, p.1281-1286.
- Amaral Júnior, A.T.; Viana, A.P.; Gonçalves, L.S.A.; Barbosa, C.D. (2010) Procedimentos Multivariados em Recursos genéticos vegetais. In: Pereira, T. N. S.(ed.). *Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Viçosa, MG, 205- 254.

- Balasubrahmanyam, V. R. (1959) Studies on blossom biology of guava. *Indian Journal of Horticulture*, Nova Délhi, 16:69-75.
- Berilli, A.P., Cândido G., Pereira, M.G., Trindade, R. S., Costa, F.R., & Cunha, K. S. (2013) Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35, 435-441.
- Bertan, I.; Carvalho, F. I. F.; Oliveira, A. C.; Vieira, E. A.; Hartwig, I.; Silva, J. A. G.; Shimidt, D. A. M.; Valério, I. P.; Busato, C. C.; Ribeiro, G. (2006) Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência*, n. 12, p. 279-286.
- Bezerra, J. E. F.; Lederman, I E.; Silva Junior, J. F.; Proença, C. E. B. (2006) Araçá. In: Vieira, R. F.; Costa, T. S. A.; Silva, D. B.; Ferreira, F. R.; Sano, S. M. *Frutas nativas da região Centro-Oeste do Brasil*. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p. 42-62.
- Biswas, B.; Rogers, K.; McLaughlin, F.; Daniels, D.; & Yadav, A. (2013) Antimicrobial Activities of Leaf Extracts of Guava (*Psidium guajava* L.) on Two Gram-Negative and Gram-Positive Bacteria. *International Journal of Microbiology*, ID 746165, 7 p.
- Boti, J. B. (2001). Polinização entomófila da goiabeira (*Psidium guajava* L., Myrtaceae): Influência da distância de fragmentos florestais em Santa Teresa, Espírito Santo. Dissertação (Mestrado em Entomologia) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa- UFV, 57p.
- Borges, V., Ferreira, P.V., Soares L., Santos, G.M., Santos, A.M.M. (2010) Sweet potato clone selection by REML/BLUP procedure. *Acta Scientiarum Agronomy.*, v. 32 n. 4, p. 643–649.
- Campos, B. M., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Gonçalves, L. S. A., & Pessanha, P. G. D. O. (2013). Quantification of the genetic divergence among guava accessions using Ward-MLM strategy. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(2), 571-578.
- Carias, C. M. O. M.; Gravina, G. A.; Ferrão, M. A. G.; Fonseca, A. F. A.; Ferrão, R. G.; Vivas, M. and Viana, A. P. (2016). Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em Progênes de café conilon. *Coffee Science*, 11, 39-45.

- Correa, A. M., Ceccon, G., Correa, C. M. de A. & Delben, D. S. (2012). Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. *Revista Ceres*, 59(1), 88-94.
- Costa, I.R.; Forni-Martins, E.R. (2006) Chromosome studies in Brazilian species of *Campomanesia Ruiz e Pávon* and *Psidium L.* (Myrtaceae Juss.). *Caryologia*, v. 59, p.7-13.
- Costa, R.B.; Resende, M.D.V.; Gonçalves, P.D.S.; Oliveira, L.C.S.; Ítavo, L.C.V.; Roa, R.A.R. (2008) Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em seringueira. *Bragantia*, v.3, p.649–654.
- Cruz, C. D. *Princípios de genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. (2006) *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. 2ª ed. Viçosa: UFV, 585p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J. e Carneiro, P. C. S. (2012). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV.
- Dasarathy, T. B. (1951) The guava. *Madras Agriculture Journal*, India, 38:521-527.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Trad. Martinho Almeida Silva, José Carlos da Silva. Viçosa: UFV, 279p.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th edn (Longman, Burnt Mill, Harlow, UK).
- Farias neto, J.T.; Oliveira, M.S.P.; Resende, M.D.V.; Rodrigues, J.C. (2012) Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênies de *Euterpe oleracea* na fase juvenil. *Cerne*, v. 18, n. 3, 515-521.
- Gomes, V.M., Ribeiro, R.M., Viana, A.P. (2017) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 148: 699
- Govaerts, R.; Sobral, M.; Ashton, P.; Barrie, F.; Holst, B.K.; Landrum, L.R.; Matsumoto, K.; Mazine, F.F.; Nic Lughadha, E.; Proença, C.; Soares-Silva, L.H.;

- Wilson, P.G.; Lucas, E. (2008). World checklist of Myrtaceae. *Royal Botanic Gardens, Kew*.
- Gressler, E.; Pizo, M. A.; Morellato, P. C. (2006) Polinização e dispersão de sementes em Myrtaceae do Brasil. *Revista Brasileira de Botânica*, Feira de Santana – BA, v.29(4), p.509-530.
- Gutiérrez, R. M., Mitchell, S., Solis, R. V. Psidium guajava: a review of its traditional uses, phytochemistry and pharmacology. *J. Ethnopharmacol.* V. 117, p. 1-27, 2008.
- Hazel, H. N. (1943) *The genetic basis for constructing selection indexes*. *Genetics*, 28: 476- 490.
- Henderson, C.R. (1949) Estimation of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, 32:1-16.
- IBGE (2017) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Banco de dados agregados: produção agrícola municipal. Rio de Janeiro. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/5457>. Acessado em 15 de fevereiro de 2019.
- Kalil, F. A. N., Resende, M. D. V., Kalil, G. P. D. C. (2000) Variance components and prediction of genetic values in rubber tree clones by the mixed model methodology (REM/BLUP). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 35, n. 9, p. 1883–1887.
- Lopez, G.A., Potts, B.M., Dutkowski, G.W., Apiolaza, L.A., And Gelid, P.E. (2002) Genetic variation and inter-trait correlations in Eucalyptus globulus base population trials in Argentina. *For. Genet.* 9: 217-231.
- Lucius, A. S. F.; Oliveira, R. A.; Daros, E.; Bespalhok Filho, J. C.; Verissimo, M. A. A. (2014). Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. *Semina: Ciências Agrárias*, v.35(1), p.101-112.
- Manica, I.; Icuma, I. M.; Junqueira, N. T. V.; Salvador, J., Moreira, A.; Malavolta, E. (2001). *Goiaba: do plantio ao consumidor*. Porto Alegre: Cinco Continentes.
- Mehmood, A.; Jaskani, M. J.; Ahmad, S.; Ahmad, R. (2013). Evaluation of genetic diversity in open pollinated guava by iPBS primers. *Pakistani Journal of Agricultural Science*, v.50(4), p.591-597.

- Mohamed, I., Minhas, P.S., Khanum, F., Sahana, V.M., (, 2012) Sahana, S. Antibacterial Activity of Leaves extract of guava (*Psidium guajava*). *Int. J. Res. Pharm. Biomed. Sci.* v. 3, p. 1–2.
- Montgomery, D.C. & Peck, E.A. (1981) *Introduction to linear regression analysis*. New York, John Wiley. 504p.
- Natale, W.; Rozane, D.E.; Souza, H.A. de.; Amorim, D.A.de (eds.) (2009) *Cultura da goiaba - do Plantio à comercialização*. Jaboticabal, SP. Jaboticabal: Funesp,573p.
- Nimisha, S.; Kherwar, D.; Ajay, K. M.; Singh, B.; Usha, K. (2013). Molecular breeding to improve guava (*Psidium guajava* L.): Current status and future prospective. *Scientia Horticulturae*, v.164, p.578-588.
- Ojewole, J.A. (2006) Antiinflammatory and analgesic effects of *Psidium guajava* Linn (Myrtaceae) leaf aqueous extract in rat and mice. *Methods Findings Exp. Clin. Pharmacol.* v. 28, p. 441-446.
- Oliveira, E.J.; Santos, V.S.; Lima, D.S.; Machado, M.D.; Lucena, R.S.; Motta, T.B.N. & Castellen, M.S. (2008) Seleção em progênies de maracujazeiro- amarelo com base em índices multivariados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43:1543-1549.
- Oliveira, E.J., Fraife Filho, G. de A., Freitas, J.P.X. de, Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. de (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:191–198.
- Paiva, C. L.; Viana, A. P., Santos, E. A.; Freitas, J. C. O.; Amaral Junior, A. T. (2016) Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia*, Campinas, v. 75, n. 4, p.418-427.
- Patterson, H. D.; Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v.58(3), p.545-554.
- Patterson, H.D.; Hunter, E.A. (1983). The efficiency in incomplete block design in national list and recommended list cereal variety trials. *Journal Agriculture Science*. v.101, p.427–433.

- Pedrozo, C.Â.; Benites, F.R.G.; Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V. de; Silva, F.L. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia agraria*, v.10, p.31-36.
- Pereira, F. M.; Nachtigal, J.C. (2002) *Melhoramento de Fruteira*. In: Bruckner, C.H. (Ed) *Melhoramento da Goiabeira*. Viçosa, p.1-18.
- Pereira, F.M., Nachtigal, J.C.(2003) Melhoramento da goiabeira. In: Rozane, D.E. Couto, F.A.d'A. *Cultura da goiabeira: tecnologia e mercado*. Viçosa: UFV, p.53-78.
- Pessanha, P. G. O.; Viana, A. P.; Amaral Júnior, A. T.; Souza, R. M.; Texeira, M. C.; Pereira, M. G. (2011) Avaliação da diversidade genética em acessos de *Psidium ssp* via marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal v. 33, n. 1, p. 129-136.
- Petek, M. R., Sera, T., Fonseca, I. C. D. B. (2008) Prediction of genetic additive values for development of a coffee cultivar with increased rust resistance. *Bragantia*, v. 67, n. 1, p. 133–140.
- Piepho, H. P.; Möhring, J.; Melchinger, A. E.; Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, v.161(1-2), p. 209-228.
- Pommer, C. V.; Oliveira, O. F.; Santos, C. A. F. (2012). *Goiaba: recursos genéticos e melhoramento*. Mossoró-RN: EdUfersa, 126 p.
- Quintal, S. S. R., Viana, A. P., Campos, B. M., Vivas, M., & Amaral Júnior, A.T. (2017) Analysis of structures of covariance and repeatability in guava segregating population. *Revista Caatinga*, v, 30, n. 4, p. 885-891
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., & amaraljunior, A.T. (2017) Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 39, n. 2.
- Rajendran, S., Sriranjini, V. (2008) Plant products as fumigants for stored-product insect control. *J. Stored Prod. Res.* V.44, p.126–135.
- Resende, M. D. V. de. (2004). *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: EmbrapaFlorestas, 57 p.

- Resende, M. D. V. de. (2007a). *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: EMBRAPA Florestas, 561 p.
- Resende, M. D. V. (2007b) SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. *EmbrapaFlorestas*, 360p.
- Resende M. D. V. de. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. v. 16, n. 4, p. 330-339.
- Resende, M. D. V. de. (2000) Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. (Documentos, 47). *Colombo: Embrapa Florestas*, 101p.
- Resende, M.A.V.; Freitas, J.A.; Lanza, M.A.; Resende, M.D.V.; Azevedo, C.F. (2014) Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 44, n. 3, p. 334-340.
- Resende, M.D.V.; Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle da qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 37, n. 3, p. 182-194.
- Resende, M.D.V. Selegen-Reml/Blup – Seleção genética computadorizada: manual do usuário. *Colombo: Embrapa CNPF*, 2002. 67 p.
- Risterucci, A. M.; Duva, M. F.; Rohde, W.; Billotte, N. (2005) Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Molecular Ecology Notes*, EUA, v. 5, p.745-748.
- Rocha, M. G. B., Pires, I. E., Xavier, A., Cruz, C. D., Rocha, R. B. (2006) Genetic evaluation of half-sib *Eucalyptus urophylla* progenies by the REML/BLUP and minimum squares procedure. *CiênciaFlorestal Santa Maria*, v. 16, n. 4, p. 369–379.
- Rozane, D. E.; Oliveira, D. A.; Lírio, V. S.; Rozane, D. E.; Couto, F. A. D. (2003). Importância econômica da cultura da goiabeira. *Cultura da goiabeira: Tecnologia e mercado*. Viçosa: UFV, 1-20.
- Santos, E. A., Viana, A. P., Freitas, J. C. O., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L., Souza, M. M. (2015) Genotype selection by REML/BLUP methodology in a

- segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*, v. 204, p. 1-11.
- Singh, R.; Sehgal, O. P. (1968) Studies on the blossom biology of *Psidium guajava* L. (guava); 2, Pollen studies stigmatal receptivity pollination and fruit set. *Indian Journal of Horticulture*, v. 25, p.52-59.
- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7: 240-250.
- Soares-Silva, L. H.; Proença, C. E. B. (2008). A new species of *Psidium* L. (Myrtaceae) from southern Brazil. *Botanical Journal of the Linnean Society*, v. 158, 51-54.
- Sudré, C. P.; Rodrigues, R.; Riva, E. M.; Karasawa, M.; Amaral Júnior, A. T. (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. *Horticultura Brasileira*, n. 23, p. 22- 27.
- Teixeira, D. H. L.; Oliveira, M. S. P; Gonçalves, F. M. A.; Nunes, J. A. R. (2012) Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 47, n. 2, p. 237-243.
- Viana, A.P.; Resende, M.D.V. de. *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência, 2014.296p.
- Viana, J. M. S.; de Almeida, Í. F.; de Resende, M. D. V.; Faria, V. R.; Silva, F. F. (2011). BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. *Euphytica*, v.174(1), p.31-39.
- Wright, S. (1921) Correlation and causation. *Journal of Agricultural Research*. 20: 57-585.
- Yusof, S. Physico-chemical characteristics of same guava varieties in Malaysia. *Acta Horticulturae*, v. 269, p. 301-306, 1990.