

PARECÊNCIA GENÉTICA E SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE
FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* VIA MODELOS MISTOS
APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA

MOISÉS AMBRÓSIO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2020

PARECÊNCIA GENÉTICA E SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE
FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* VIA MODELOS MISTOS
APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA

MOISÉS AMBRÓSIO

“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
FEVEREIRO - 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

A496

Ambrósio, Moisés.

Pareência genética e superioridade genotípica de famílias S_1 de *Psidium guajava* via modelos mistos aplicada a seleção truncada e simultânea / Moisés Ambrósio. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

135 f.

Bibliografia: 101 - 120.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. "Melhoramento". 2. "Goiabeira". 3. "Diversidade". 4. "Endogamia". 5. "Genética. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

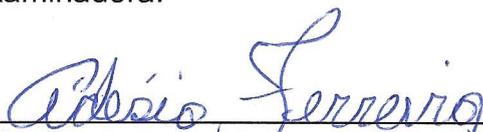
PARECÊNCIA GENÉTICA E SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE
FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* VIA MODELOS MISTOS
APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA

MOISÉS AMBRÓSIO

“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 20 de fevereiro de 2020.

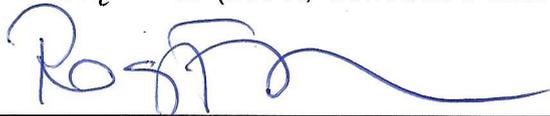
Comissão Examinadora:



Prof. Adésio Ferreira (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UFES



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



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

DEDICATÓRIA

À minha amada mamãe Raquel Ambrósio pelo incentivo e apoio.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pela saúde, proteção divina e o amor incondicional. A mim mesmo por toda dedicação, esforço e por não ter desistido diante dos problemas enfrentados durante essa trajetória.

A minha mãe Raquel Ambrósio por me apoiar durante toda a minha vida e principalmente no período em que cursei o Doutorado.

Ao Prof. DSc. Alexandre Pio Viana, pela orientação, paciência, sugestões, acolhimento, e confiança depositada em mim no desenvolvimento do trabalho.

Ao meu amigo Dr. Natan Ramos Cavalcante pela amizade e companheirismo durante essa jornada.

A minha amiga Dra. Sandra, pela amizade e por todo apoio pessoal, emocional e profissional.

As minhas amigas Maridilva, Karla e Dora que mesmo diante sempre torceram para meu crescimento profissional.

As minhas amigas da academia pra vida: Renata, Magali, Adriana, Paula, Camile por todos os momentos compartilhados e pelo amor incondicional.

A minha amiga Grasiela pela amizade e companheirismo durante as aulas e escrita da tese.

Aos colegas e amigos da pós-graduação, Fernando, Leticia, Kaliane, Nádia, Gabi, Gessica, Jocarla, Júnior, Paulo, Yure, Juliana, Vitor, Kariane, Lili, Fabio, José Arantes por dividirem essa jornada comigo.

Aos colegas do laboratório de Melhoramento de Plantas pelo companheirismo e ajuda durante as atividades de campo e laboratório.

Ao técnico Dr. Leandro Espanhol, e aos funcionários de campo de Itaocara pela ajuda durante a condução do experimento.

Aos professores participantes da banca de defesa Dr. Adésio Ferreria, Dr. Marcelo Vivas e Dr. Rogério Figueiredo Daher pelas sugestões na tese.

Ao secretário, Daniel, pela ajuda com as documentações, esclarecimentos de dúvidas.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código de Financiamento 001.

À UENF pelo acolhimento e oportunizado estudar em um Universidade de excelência.

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF por oportunizar a realização do curso.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVO	6
2.1 Objetivo Geral	6
2.2 Objetivos Específicos.....	6
3. CAPÍTULOS	8
3.1 CATEGORIAS DE VARIÁVEIS NA ANÁLISE RESTRITIVA DE PARECÊNCIA GENÉTICA EM FAMÍLIAS S₁ DE <i>Psidium guajava</i>	8
3.1.1 INTRODUÇÃO	8
3.1.2 REVISÃO	10
3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura da goiabeira.....	10
3.1.2.2. Estudo de diversidade genética.....	15
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1.3.1. Local, delineamento e população avaliada.....	18
3.1.3.2. Análise de diversidade genética pela técnica de Gower e agrupamento pelo método UPGMA.....	21
3.1.3.3. Importância relativa dos caracteres	22
3.1.3.3. Correlação de Pearson.....	22
3.1.3.4. Análise da diversidade genética pelo método Ward-MLM.....	23
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	23

3.1.4.1. Análise comparativa e agrupamento pelo método UPGMA.....	23
3.1.4.2. Importância relativa dos caracteres	27
3.1.4.3. Correlação de Pearson.....	28
3.1.4.4. Análise de agrupamento por meio da estratégia Ward-MLM.....	29
3.1.5 CONCLUSÕES	37
3.2 SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE FAMÍLIAS S₁ DE <i>Psidium guajava</i> POR MODELAGEM MISTA APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA.....	39
3.2.1 INTRODUÇÃO	39
3.2.2 REVISÃO.....	42
3.2.2.1. Melhoramento genético da goiabeira.....	42
3.2.2.2. Melhoramento genético da goiabeira da UENF	44
3.2.2.3. Modelos mistos no melhoramento genético de plantas	48
3.2.2.4. Índice de seleção via modelos mistos	51
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	54
3.2.3.1. Local, população avaliada e delineamento	54
3.2.3.2. Características avaliadas.....	55
3.2.3.3. Modelo misto na seleção de plantas e estimação dos parâmetros genéticos	56
3.2.3.4. Seleção simultânea de características via índice de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba & Mock.....	58
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	59
3.2.4.1. Avaliação genética das 18 famílias S ₁ de <i>Psidium guajava</i> via modelos mistos	59
3.2.4.2. Seleção simultânea de características via índice de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba & Mock.....	74
3.2.5. CONCLUSÕES	76
3.3 ESTIMATIVAS DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE EM FAMÍLIAS S₁ DE <i>Psidium guajava</i> VIA MODELOS MISTOS	77
3.3.1 INTRODUÇÃO.....	77
3.3.2 REVISÃO.....	79
3.3.2.1. Análise de medidas repetidas via modelos mistos	79
3.3.2.2 Análise de estabilidade e adaptabilidade via modelos mistos.	83

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS	85
3.3.3.1. Local, delineamento e população avaliada.....	85
3.3.3.2. Características avaliadas.....	86
3.3.3.3. Análise via modelos mistos	87
3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	90
3.3.4.1. Avaliação genética via modelos mistos	90
3.3.5. CONCLUSÕES	100
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	101

RESUMO

AMBRÓSIO, Moisés; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2020; PARECÊNCIA GENÉTICA E SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* VIA MODELOS MISTOS APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Prof. Marcelo Vivas.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), considerando o elevado potencial do fruto da goiabeira e a baixa disponibilidade de cultivares desenvolvidas por programas de melhoramento genético que atendam às necessidades dos produtores, vem desenvolvendo há doze anos um programa de melhoramento que visa o desenvolvimento de novas cultivares de goiaba (*Psidium guajava*). Neste sentido, optou-se também pela obtenção de famílias endogâmicas como forma de fixação de alelos potenciais para características relacionadas à planta e fruto, porquanto foi observado que o processo de endogamia aparentemente não afeta de forma contundente a goiabeira, como aspectos relacionados à depressão por endogamia. Diante disso, o presente estudo teve grande impacto no programa de melhoramento da Goiabeira, pois possibilitou a condução de populações endogâmicas de goiabeiras, ocorrência inédita nesta cultura, visto que não há nenhuma menção de programas de melhoramento que trabalhem neste sentido no Brasil e no mundo. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivos avaliar a divergência genética entre genótipos de famílias S₁ de goiabeira, bem como, selecionar via modelos mistos os genótipos que

apresentem características superiores, e estimar o número mínimo de colheitas que devem ser realizadas para a seleção dos genótipos de maior estabilidade. As famílias deste estudo foram obtidas por meio de autofecundações de genótipos superiores (irmãos-completos) do programa de melhoramento genético de goiabeiras da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. O experimento foi implementado na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara-RJ, Região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com 18 famílias S₁, três repetições e 10 plantas por parcela. Foram avaliados 540 genótipos (plantas individuais) de goiabeira. No primeiro capítulo, após 19 meses do plantio do experimento, foram avaliados os 61 genótipos (plantas individuais) mais precoces e produtivos. Para tanto, foram avaliados 29 descritores, sendo quinze qualitativos e quatorze quantitativos. As características foram analisadas para obtenção da matriz de distância com base no algoritmo de Gower, e um agrupamento comparativo entre os dendrogramas das variáveis morfoagronômicas foi obtido a partir dessa matriz. Os descritores quantitativos foram submetidos à análise de correlação, e a seleção dos descritores foi realizada com base no método de Singh. Por fim, foi utilizado o procedimento Ward-MLM para compor os grupos de famílias endogâmicas por meio da análise de agrupamento. No segundo capítulo foi realizada a estimação de parâmetros genéticos e a seleção dos melhores genótipos com base no valor genético pelo procedimento estatístico REML/BLUP, utilizando o programa Selegen-REML/BLUP. As análises dos índices de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de mulamba também foram realizadas no programa Selegen. No terceiro capítulo foram avaliadas as famílias endogâmicas em três safras, quanto ao peso dos frutos, número de frutos por planta e produção total. Posteriormente foi realizada a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos, bem como as estimativas de repetibilidade, adaptabilidade e estabilidade dos genótipos através do programa Selegen/REML-BLUP. Nos resultados do primeiro capítulo, a utilização de apenas os descritores foliares ou de fruto gerou maior eficiência na discriminação dos grupos. Deste modo, mediante os resultados encontrados há possibilidade de indicar descritores mínimos para a cultura. A maior contribuição relativas foi observado nos caracteres massa de fruto, peso do fruto e peso de placenta. Pelo procedimento da função da verossimilhança, determinou-se dois como o número

ideal de grupos, com um valor de incremento de 41,98. Pelo método Ward-MLM, os descritores que mais contribuíram para divergência entre os genótipos foram massa de polpa do fruto, peso do fruto, diâmetro do fruto, espessura da polpa do fruto, massa da placenta do fruto e comprimento do fruto. No segundo capítulo para a estimação dos parâmetros genéticos para as caracteres agronômicas observou-se que as características peso total de frutos, número total de frutos, massa de fruto, massa de polpa e massa de placenta foram as que apresentaram maiores valores de variância genotípica, herdabilidade e acurácia seletiva, conseqüentemente, as que obtiveram maiores ganhos. Na avaliação pelo BLUPs individuais as famílias 1, 12, 4, 6 e 8 contribuíram com a maioria dos genótipos selecionados para as características avaliadas, indicando grande potencial dessas famílias em gerar genótipos superiores em qualidade e produção. Nos índices de seleção via modelos mistos, o índice multiplicativo apresentou maiores valores de ganhos genéticos (73,95%), seguido do índice rank médio adaptado de Mulamba (19,11%) e do aditivo (2,30%). No terceiro capítulo, os valores de repetibilidade demonstram que o desempenho dos genótipos é constante entre as medições, indicando a necessidade de apenas três avaliações para seleção dos genótipos superiores com maior confiabilidade. As famílias 1, 4, 6, 12, 8 e 2 foram selecionadas como as melhores, pois os genótipos dessas famílias foram promissores para número de fruto e produção total. Houve concordância na escolha das famílias 1, 6 e 12 como as mais produtivas, adaptáveis e estáveis para todos caracteres avaliados. Com esse trabalho, foi possível melhor robustez na escolha dos genótipos que foram selecionados e autofecundados a fim de se obterem genótipos mais promissores e uniformes no desenvolvimento do programa de melhoramento.

ABSTRACT

AMBROSIO, Moisés; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; february, 2019; GENETIC SIMILARITY AND GENOTYPIC SUPERIORITY OF *Psidium guajava* S₁ FAMILIES VIA MIXED MODELS APPLIED TO TRUNCATED SELECTION AND MULTIPLE TRAIT SELECTION; Adviser: Alexandre Pio Viana; Committe Membrers: Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Marcelo Vivas.

The *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)*, considering the guava fruit high potential and the cultivars low availability developed by genetic breeding programs that answers to the producer's needs, has been developing a breeding program aiming the breeding of new guava tree cultivars for twelve years (*Psidium guajava*). In this context, it was also chosen to obtain inbreeding families as a way of fixing potential alleles for characteristics related to plant and fruit, because it was observed that the inbreeding process apparently does not affect the guava tree, as related aspects inbreeding depression. Based on the above, the present study had a great impact on the guava tree breeding program, as it made it possible to conduct inbreeding populations of guava trees, an unprecedented occurrence in this culture, as there is no mention of breeding programs operating in this direction in Brazil or in the world. Given the background, the present study aims to evaluate the genetic divergence between genotypes of guava S₁ families, as well as to select genotypes that present superior characteristics via mixed models, in addition to estimate the minimum number of harvests that must be carried out for the most stable genotypes selection. The

families used in this study were obtained through self-fertilization of superior genotypes (full-sibs) from the guava breeding program, at *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro*. The experiment was implemented at the *Barra do Pomba Island* Experimental Station, at the Itaocara city, Northwestern Region of the Rio de Janeiro state. The experimental design was randomized block with 18 S₁ families, three replications and 10 plants per plot. 540 guava genotypes (individual plants) were evaluated. In the first chapter, 19 months after planting the experiment, the 61 earliest and most productive genotypes (individual plants) were evaluated. For that, 29 descriptors were evaluated, being fifteen qualitative and fourteen quantitative. The characteristics were analyzed to obtain the distance matrix based on the Gower algorithm, and a comparative grouping between the dendrograms of the morpho-agronomic variables was obtained from this matrix. Quantitative descriptors were subjected to correlation analysis, and the descriptors selection was performed based on the Singh method. Finally, the Ward-MLM procedure was used to compose the groups of inbreeding families through cluster analysis. In the second chapter, the genetic parameters estimation and the best genotypes selection based on the genetic value were performed using the statistical procedure REML / BLUP, using the software Selegen-REML/BLUP. The analysis of indexes additive, multiplicative, and average rank adapted from Mulamba and Mock were also carried out in the software Selegen. In the third chapter, inbreeding families were evaluated in three harvests, in terms of fruit weight, number of fruits per plant and total production. Subsequently, the analysis of deviance, the estimation of genetic parameters and prediction of gains, as well as the estimates of repeatability, adaptability and stability of the genotypes were carried out using the software Selegen/REML-BLUP. In the results of the first chapter, it can be seen that the use of all 29 descriptors generated greater efficiency in discriminating groups. Thus, based on the results found, it is not possible to indicate minimum descriptors for the crop. The greatest relative contribution was observed in the characters fruit mass, fruit weight and placenta weight. By the likelihood function procedure, two were determined as the ideal number of groups, with an increment value of 41.98. Using the Ward-MLM method, the descriptors that most contributed to divergence between the genotypes were fruit pulp mass, fruit weight, fruit diameter, fruit pulp thickness, fruit placenta mass and fruit length. In the second chapter for the genetic parameters estimation for agronomic traits, it was observed that the characteristics total fruit

weight, total number of fruits, fruit mass, pulp mass and placenta mass were those that presented the highest values of genotypic variance, heritability and accuracy, consequently, those obtained greatest gains. In the assessment by individual BLUPs, families 1, 12, 4, 6 and 8 contributed with most of the genotypes selected for the evaluated characteristics, indicating the great potential of these families to generate superior genotypes in quality and production. In the selection indexes via mixed models, the multiplicative index showed higher genetic gains values (73.95%), followed by the average rank adapted from Mulamba and Mock index (19.11%) and the additive index (2.30%). In the third chapter, the repeatability values demonstrate that the genotypes performance is constant between the measurements, indicating the need for only three evaluations to select the superior genotypes with greater reliability. Families 1, 4, 6, 12, 8 and 2 were selected as the best, as the genotypes of these families were selected as promising for fruit number and total production. There was agreement in the choice of families 1, 6 and 2 as the most productive, adaptable and stable for all evaluated traits. With this research, there is a more robust foundation in the best genotypes choice that can be selected and self-fertilized in order to obtain more promising and uniform genotypes in the development of the breeding program.

1. INTRODUÇÃO

É relevante destacar a importância do Brasil no cenário mundial no que concerne a produção de goiaba, tendo em vista que a produção anual de goiabas no Brasil é de aproximadamente 460.515 mil toneladas, sendo a área plantada de 20.294 mil ha, com produtividade média de 22.791 kg ha⁻¹ ano⁻¹, o que gera um valor de produção estimado em 476,8 milhões de reais (Ibge, 2018). No Estado do Rio de Janeiro a produção comercial da goiabeira é promissora, sendo favorecida pelas condições edafoclimáticas e proximidade às instalações portuárias. As regiões Norte e Noroeste Fluminense, por exemplo, carecem de culturas alternativas que possam incrementar a economia local, sendo a fruticultura uma excelente alternativa.

Contudo, a maior barreira enfrentada pelos produtores brasileiros é o baixo número de cultivares disponíveis e adaptadas às regiões produtoras, sendo o total de 16 cultivares registradas no RNC (Registro Nacional de Cultivares), das quais oito foram desenvolvidas para o Estado do Espírito Santo, quatro para o Estado de São Paulo, uma para o Distrito Federal, uma para Pernambuco, e duas há carência de informações (Mapa, 2018), não havendo nenhuma cultivar de goiaba desenvolvida, testada e recomendada para o Estado do Rio de Janeiro. Sendo assim, o maior desafio para os melhoristas é a obtenção de cultivares produtivas, resistentes as principais pragas e doenças da cultura, adaptadas as regiões produtoras e que possuam grande aceitação por parte do mercado consumidor.

Neste âmbito, o melhoramento genético vegetal, quando bem conduzido, apoiado e direcionado para a busca de resultados práticos, é uma das melhores

alternativas para se almejar o desenvolvimento da cadeia produtiva do agronegócio, pois disponibiliza cultivares adaptadas às diversas regiões produtoras do Brasil. Neste sentido, vale destacar a importância do desenvolvimento do Programa de Melhoramento Genético desta espécie que vise à seleção de indivíduos superiores ou melhores adaptados à região Norte e Noroeste Fluminense do Estado do Rio de Janeiro. Neste contexto, a Universidade Estadual do Norte fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem conduzindo um programa de melhoramento genético para a goiabeira há cerca de doze anos. Ao longo desse período, obteve-se resultados positivos na seleção e condução de novos genótipos. Desta maneira, o melhoramento da goiabeira com abordagem na seleção de genótipos elites via populações segregantes vem sendo uma estratégia eficiente de seleção de genótipos superiores. Porém, a goiabeira apresenta uma taxa de autofecundação maior que a de fecundação cruzada, fato este, que pode favorecer a condução de populações via linhagens.

Deste modo, tornou-se necessário a realização de estudos voltados para obtenção de linhagens, com a consequente fixação alélica, disponibilizando aos produtores um material homogêneo e de qualidade para seus pomares. Com isso, o presente estudo teve um grande impacto no programa de melhoramento da goiabeira, pois possibilitou a condução de populações endogâmicas de goiabeiras, situação inédita nesta fruteira, visto que não há nenhuma referência de programas de melhoramento que trabalhem neste sentido no Brasil e no mundo. Sendo assim, a UENF é pioneira na condução de famílias endogâmicas S_1 . Deste modo, o estudo de melhoramento genético da goiabeira, por meio de seleção de plantas originadas por sementes, pode possibilitar a obtenção de cultivares com características adequadas para o consumo *in natura* e para a industrialização (Quintal et al., 2017a; Quintal et al., 2017b).

Diante disso, a possibilidade de avaliar o desempenho de progênies em gerações iniciais de endogamia, é de grande valia para os programas de melhoramento, o que permite aos melhoristas concentrar esforços e recursos nas combinações com maior potencial de melhoramento. Para tanto, uma elevada eficiência experimental, aliada ao uso de métodos de seleção apropriados, possibilita a seleção de indivíduos superiores nas gerações iniciais. A variabilidade genética disponível na população pode ser quantificada por meio de estudos de diversidade, com a finalidade de auxiliar a identificação de genótipos superiores e distante geneticamente para compor as próximas gerações de melhoramento. A

distância genética pode ser avaliada a partir de características morfoagronômicas, morfológicas e moleculares por vários métodos multivariados, tais como análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (Kim e Ward, 1997).

O melhor método de classificação numérica é aquele que define os grupos mais compactos e bem separados, ou seja, com mínima variação dentro dos grupos e máxima variação entre grupos (Crossa e Franco, 2004). Uma técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos foi proposta por Gower (1971), por meio de um algoritmo que estima a similaridade entre dois indivíduos utilizando dados com distribuições contínuas e discretas.

Outro método utilizado é de Ward (1963), também conhecido como método da “Mínima Variância” (Mingoti, 2005), proporciona a formação dos grupos pela maximização da homogeneidade presente dentro dos grupos. Neste contexto, Franco et al. (1998) propuseram o procedimento Modified Location Model (MLM) como substituição ao procedimento Location Model proposto por Lawrence e Krzanowski (1996). Deste modo, a estratégia Ward-MLM permite a definição do número ótimo de grupos e o cálculo de uma média dos grupos com alta precisão, fazendo uso de toda a informação disponível sobre os acessos, sejam elas variáveis quantitativas ou qualitativas (Crossa & Franco, 2004), e vem sendo usada no melhoramento de fruteiras e demais culturas agrícolas para mensuração da diversidade genética como na bananeira (Pereira et al., 2012), goiabeira (Campos et al., 2013), espécies silvestres de *Passiflora* (Santos, 2019), e mamoeiro (Nunes da Luz et al., 2014).

Não obstante, a seleção em gerações endogâmicas avançadas depende, também, da acurácia dos métodos analíticos empregados, ainda mais em experimentos desbalanceados, situação comum na experimentação em fruteiras, onde a análise de variância conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância. À vista disso, é indispensável à utilização de métodos que estimem com precisão os componentes de variância e permitam a predição de valores genéticos individuais dos candidatos à seleção (Borges et al., 2010; Santos et al., 2015; Gomes et al., 2017).

A seleção, neste caso, consiste em ranquear os indivíduos com elevados valores genotípicos dentro das famílias endogâmicas S_1 , com o uso dos modelos mistos. Deste modo, a seleção de famílias com base em caracteres quantitativos de produção, poderá possibilitar a identificação de progênies e/ou famílias mais

promissoras e com maior probabilidade de serem mais produtivas. Assim, no intuito de superar tais limitações, lança-se mão das metodologias dos modelos mistos, as quais podem ser utilizadas como um procedimento ótimo para seleção e, por consequência, resultam em um processo de seleção mais acurado. Neste raciocínio, os autores Ramalho e Araújo (2011) apontam a utilização de modelos mistos como estratégia adequada para maior eficiência do melhoramento de plantas autógamas, pela identificação de progênies ou linhas com maior mérito genotípico. Esta metodologia estima os componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) e prediz os valores genotípicos pela melhor predição linear não-viciada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP) (Resende, 2002; Alves e Resende, 2008; Viana e Resende, 2014).

Na cultura da goiabeira, além da produtividade, existem características do fruto a serem melhoradas como o tamanho e massa, espessura da casca, rendimento de polpa e teor de sólidos solúveis totais, seja o fruto destinado para o consumo *in natura* ou para industrialização. Neste caso, como há várias características agronomicamente importantes, faz-se necessário realizar a seleção simultânea das mesmas. Para isto é indicado o uso dos índices de seleção como uma promissora alternativa para obter genótipos que reúnam todos os caracteres favoráveis simultaneamente, que atendem às demandas do mercado (Cruz et al., 2012). De acordo com Neves et al. (2010), o índice de seleção é uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com os atributos genéticos da população avaliada. Neste contexto, os índices de seleção vêm sendo aplicados no melhoramento de fruteiras e tem apresentado bons resultados nos ganhos genéticos. Dentre os índices avaliados, têm-se destacado a soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e o índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Baker, 1969) e os índices de seleção via modelos mistos, índice aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de mulamba.

Ao selecionar um genótipo com elevado potencial produtivo, espera-se também que sua superioridade ou bom desempenho inicial se repita ao longo de seu ciclo de vida produtiva. Tal expectativa poderá ser confirmada a partir da estimativa de coeficientes de repetibilidade para as características de interesse. A repetibilidade permite estimar o número de avaliações ou ciclos produtivos para selecionar genótipos superiores com maior eficiência e menor custo operacional. É

comum fazer medições repetidas num mesmo grupo de indivíduos de espécies perenes, (Lira Júnior et al., 2014). Deste modo, estudos de repetibilidade já foram aplicados ao melhoramento de diversas culturas perenes, como cajazeira (Soares et al., 2008; Nunes et al., 2011), guaranazeiro (Nascimento Filho et al., 2009), maracujazeiro (Neves et al., 2010; Santos et al., 2010) e laranjeira-doce (Negreiros et al., 2008, 2014). Em alguns trabalhos com goiabeira, foram avaliados, em estudos de repetibilidade, para características químicas e físicas de fruto e caracteres relacionados à produtividade (Quintal et al., 2017; Paiva et al.,

2. OBJETIVO

2.1 Objetivo Geral

Avaliar a divergência genética entre genótipos de famílias S₁ de goiabeira, bem como, selecionar via modelos mistos os genótipos que apresentem características superiores, e estimar o número mínimo de colheitas que devem ser realizadas para a seleção dos genótipos de maior confiabilidade.

2.2 Objetivos Específicos

- I. Realizar a fenotipagem via descritores morfo-agronômicos estabelecidos para a espécie *P. guajava* L. segundo UPOV, (1987);
- II. Avaliar a importância relativa dos caracteres para divergência genética;
- III. Realizar o estudo de correlação entre as características da goiabeira;
- IV. Verificar a diversidade genética entre genótipos das famílias endogâmicas via técnica de Gower e metodologia Ward-MLM;
- V. Estimar os componentes de variância das famílias endogâmicas utilizando a metodologia REML;
- VI. Estimar os valores genéticos das famílias endogâmicas pela melhor predição linear não viesada (BLUP);
- VII. Realizar a seleção simultânea de características através do índice de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba.

- VIII. Verificar, por modelos mistos, a repetibilidade das variáveis avaliadas em três safras;
- IX. Avaliar, usando REML/BLUP, a adaptabilidade e a estabilidade das famílias endogâmicas promissoras;
- X. Efetuar as autofecundações para obtenção de famílias S_2 nos genótipos selecionados das famílias S_1 avaliadas.

3. CAPÍTULOS

3.1 CATEGORIAS DE VARIÁVEIS NA ANÁLISE RESTRITIVA DE PARECÊNCIA GENÉTICA EM FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava*

3.1.1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a goiaba apresenta lugar de destaque entre as frutas tropicais, em razão principalmente da grande variedade de produtos e subprodutos, usos e forma de consumo. No Estado do Rio de Janeiro, a goiabeira é uma fruta promissora, tendo em vista as condições edafoclimáticas, solos favoráveis e proximidade às instalações portuárias, favorecendo assim, à produção comercial da goiabeira. Deste modo, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um programa de melhoramento para a goiabeira há cerca de doze anos, tendo até o momento resultados positivos na seleção e condução de novos genótipos (Pessanha et al., 2011; Campos et al., 2013; Oliveira et al., 2013; Campos et al., 2016; Quintal et al., 2017a; Quintal et al., 2017b; Paiva et al., 2019).

Neste contexto, o melhoramento da goiabeira com enfoque na seleção de genótipos elites via populações segregantes vem demonstrando ser uma estratégia eficiente de seleção. Porém, faz-se necessária a avaliação da endogamia parcial

sobre os diversos atributos de importância para o melhoramento da goiabeira, principalmente na manutenção e fixação dos caracteres agrônômicos desejáveis nos genótipos avaliados. Dessa maneira, a utilização de famílias endogâmicas S₁ mostrou-se eficaz neste sentido, onde pôde ser observado plantas com altas produtividades e precocidade, além de alta homogeneidade dentro das famílias. Mediante o apresentado, tornou-se necessário, a realização de estudos voltados para obtenção de linhagens, para a fixação de alelos favoráveis em genótipos de interesse, disponibilizando aos produtores um material homogêneo e de qualidade para os pomares das diversas regiões produtoras do Brasil.

Nesta premissa, um dos aspectos de fundamental importância para o melhoramento de plantas visando a seleção de cultivares superiores é o estudo da divergência genética, pois permite conhecer a magnitude da variabilidade genética das populações, possibilitando o monitoramento de cruzamentos, autofecundações e a obtenção de informações viáveis à preservação e o uso dos recursos genéticos vegetais (Cruz et al., 2014). Em espécies perenes, como *P. guajava*, podem ser realizados com base em descritores morfológicos e agrônômicos, características diretamente relacionadas à produção e ao mercado (Santos et al., 2010). E dentre as metodologias para o estabelecimento da importância dos descritores na caracterização de uma população, destacam-se o uso da análise de componentes principais, o método de Singh e as estimativas de correlação. Essas metodologias vêm sendo utilizadas em estudo de diversidade genética em fruteiras (Sousa et al., 2012; Alves et al., 2012).

Neste âmbito, o uso de técnicas multivariadas tem possibilitado estudos sobre divergência genética entre genótipos, e em sua maioria, são baseadas em algoritmos, ou medidas de distância, que consideram simultaneamente inúmeras características e permite unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Vilela et al., 2008). Para análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos foi proposta a técnica de Gower (1971). Deste modo, essa análise conjunta de dados, propicia uma melhor compreensão das características consideradas e, principalmente, conclusões mais criteriosas e eficazes do ponto de vista estatístico sobre o relacionamento genético entre os acessos estudados (Torres et al., 2015).

Outra técnica de grande impacto para quantificar a diversidade genética entre genótipos é a metodologia Ward-MLM (Ward-Modified Location Model),

proposta por Franco et al. (1998). Este método permite analisar variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente, acessando grande parte da informação disponível do germoplasma. Por meio dessa técnica, é possível definir o número ótimo de grupos e identificar, de forma segura, a probabilidade real de cada acesso ser designado a um determinado grupo (Gonçalves et al., 2009). Alguns trabalhos vêm sendo desenvolvidos, utilizando tal procedimento, como em milho (Gutiérrez et al., 2003; Franco et al., 2005; Ortiz et al., 2008), nabo-forageiro (Padilha et al., 2005), tomate (Gonçalves et al., 2009), feijão (Barbé et al., 2010; Cabral et al., 2010), pimenta/pimentão (Sudré et al., 2010), banana (Pestana et al., 2011) e goiabeira (Campos et al., 2013).

Diante do exposto, o presente estudo teve como objetivos avaliar a divergência genética entre genótipos de famílias S₁ de goiabeira por meio da técnica de Gower e da metodologia Ward-MLM, como também verificar a correlação e a contribuição relativa dos caracteres, bem como identificar os descritores com eficiência mínima para essa espécie.

3.1.2 REVISÃO

3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura da goiabeira

A Goiaba, *Psidium guajava* L, pertence à família da Myrtaceae, segundo Cutter, (1987) também são mirtáceas, o Eucaliptus e com algumas plantas frutíferas dos trópicos como a pitanga, a grumichama, o jambo e a *Feijoa sellowiana*. É originária da América Tropical, possivelmente entre o México e o Peru, onde ainda pode ser encontrada em estado silvestre. A capacidade de dispersão e rápida adaptação a diferentes ambientes possibilitaram a presença dessa Mirtaceae em amplas áreas tropicais e subtropicais do mundo, sendo considerada uma praga em algumas regiões (Menzel, 1985). A goiabeira é uma pequena árvore de flores alvas e perfumadas, se prolifera com facilidade nos terrenos baldios, em pastagens e capinzais, adapta-se bem a diferentes condições climáticas e de solo, produzindo frutos que são aproveitados desde a forma artesanal na produção de doces caseiros, até a industrial na produção de sucos (Ide et al., 2001).

A classificação botânica de várias espécies como a da goiabeira, tem sofrido, ao longo do tempo, quase como regra geral, mudanças periódicas. Inicialmente, ela foi classificada conforme a forma e a coloração dos seus frutos. A exemplo disto, a *Psidium pomiferum*, de frutos redondos ou elíptico e com a polpa de coloração vermelha, e a *Psidium pyriferum*, cujos frutos eram piriformes (forma de pera) e polpa de coloração branca ou rosada (Soubihe Sobrinho, 1951). Hoje, sabe-se que as duas espécies, *pyriferum* e *pomiferum*, são na realidade variações globosas e piriformes da espécie *Psidium guajava* L., e não um subsistema do ponto de vista botânico (Medina, 1988).

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma planta perene da família das mirtáceas, que compreende um grande número de frutas tropicais, é também considerada uma planta rústica e pouco exigente em relação ao solo (Pereira e Martinez Júnior, 1986), podendo se desenvolver em condições adversas de clima (Gongatti Netto et al., 1996), e apesar de não ter grande porte, possui elevada capacidade produtiva quando comparada a outras frutíferas (Natale et al., 1996). É considerada uma planta arbustiva ou arbórea de tamanho pequeno (Koller, 1979), podendo atingir de três a cinco metros de altura (Piedade Neto, 2003) e durante a fase adulta, possui a casca do caule de coloração castanho-arroxeadada, lisa, fina e brilhante. A casca se mantém aderente quando viva e se desprende em lâminas quando seca (Medina, 1988). As folhas apresentam variações no tamanho e na forma, sendo um fator importante na diferenciação de variedades (Purseglove, 1968) e são de coloração verde-amarelada (Piza Junior e Kavati, 1994) e opostas (Pereira, 1995).

As flores são brancas, hermafroditas. Elas surgem em botões isolados ou em grupos de dois ou três botões, sempre na axila das folhas que brotam em ramos maduros, após a poda ou naturalmente. A ocorrência de botões florais isolados ou em grupos varia com as condições ambientais, com a fertilidade do solo e, principalmente, com a variedade. Essa característica é importante, porque pode determinar a necessidade ou não da realização do desbaste de fruto, o que pode alterar os custos de produção da fruta (Gonzaga Neto, 2007). A floração na goiabeira ocorre apenas em ramos do ano. As flores são hermafroditas, com androceu formado por numerosos estames (cerca de 350) livres e com filetes brancos. As anteras são de forma variável, devido à pressão existente entre elas na fase de botão floral, apresentando duas tecas rimosas. O gineceu é

gamocarpelar, com ovário ínfero, inteiramente soldado ao receptáculo floral, tri ou tetralocular, contendo numerosos óvulos e placentação marginal. O estilete é simples, ligeiramente cônico, do mesmo comprimento dos estames externos na prefloração e mais comprido na flor aberta, de coloração esverdeada no ápice e com estigma capitado verde (Soubihe Sobrinho, 1951; Pereira e Martinez Júnior, 1986; Pereira, 1995).

As inflorescências são do tipo dicásio; a gema lateral florífera do ramo do ano desabrocha e uma inflorescência se desenvolve, trazendo um botão na extremidade do eixo. Este botão possui na base, duas brácteas opostas, onde podem aparecer dois botões floríferos laterais, formando um total de três flores (Pereira, 1995), podendo ser encontradas flores em botões isolados ou em grupos de dois ou três, dependendo da cultivar, mas sempre na axila das folhas (Gonzaga Neto e Soares, 1994).

O fruto é do tipo baga, apresentando formato predominante ovulado, piriforme e arredondado, com diâmetro médio de 5 a 7 cm e peso médio de 80 gramas. Nas cultivares destinadas à mesa, o peso do fruto pode chegar a 300 – 400 gramas. A cor da polpa dos frutos pode apresentar diversas tonalidades: branca, creme, amarelada, amarelo-ouro, rósea, vermelha-escura. A polpa é sucosa e doce, com numerosas sementes reniformes, duras, com tamanho de 2 a 3 mm (Zambão e Bellintani Neto, 1998).

A goiabeira apresenta denso sistema radicular, característica que lhe favorece na concorrência com outras espécies (Rey, 1998). As raízes mais finas da goiabeira (<1,0 mm de espessura) constituem aproximadamente 77% do total do sistema radicular, estando presente tanto nas camadas superficiais como nas camadas mais profundas (Medina, 1988). Apenas as goiabeiras propagadas via sementes apresentam raiz pivotante, de crescimento rápido com dimensões bastante superiores às ramificações laterais. Entretanto, em pomares adultos foi verificado que as raízes secundárias laterais, surgidas na raiz principal próxima ao nível do solo, desenvolvem-se de tal forma que praticamente equivalem-se à raiz pivotante (Pereira e Martinez Junior, 1986).

A goiabeira é considerada uma planta com sistema de reprodução misto (autógama-alógama) (Medina, 1988). Embora a taxa de autofecundação seja maior, a taxa de fecundação cruzada ainda é considerada alta (25,7 a 41,3%) considerando-se 33,5% como índice médio (Soubihe Sobrinho e Gurgel, 1962).

Segundo Alves e Freitas (2007), a goiabeira beneficia-se mais da polinização cruzada, podendo incrementar a produção em até 39,5% em relação a autopolinização. Ray e Chhondkar, citados por Medina (1988), verificaram, em estudos de polinização de três variedades, que a frutificação mais elevada, 62% a 82%, ocorreu sob a polinização aberta, embora a queda de frutos fosse maior.

O pegamento final dos frutos da goiabeira é, de acordo com Pereira (1995), da ordem de 20%, quando se considera a relação entre o número de botões florais surgidos e o número de frutos efetivamente colhidos. Entre os insetos responsáveis pela polinização das flores da goiabeira, constata-se que a abelha doméstica, *Apis mellifera*, é o principal agente polinizador (Gonzaga Neto, 2007). Dependendo da cultivar, a frutificação da goiabeira inicia no segundo ou terceiro ano após o plantio no local definitivo. Pode ainda iniciar em idade menor da planta uma vez que varia com a cultivar (Crisostomi & Naumov, 2009). Quando a muda foi formada pelo processo de estaquia, este período pode reduzir bastante. Entre 47 a 70 dias surgem os botões florais e a floração ocorre entre 71 e 84 dias após a poda, e o pegamento dos frutos ocorre em torno de 90 dias após a poda (Oliveira et al., 2012).

Os maiores produtores mundiais da goiabeira são a Índia, o Paquistão, o Brasil, o Egito, a Venezuela, a América do Norte, a África do Sul, o México, a Austrália e o Quênia. A exportação brasileira de goiabas e produtos derivados sempre ocorreu em pequenas quantidades, essencialmente para França, Alemanha, Estados Unidos, Argentina, Paraguai e Bolívia (Oliveira, et al. 2012). As goiabeiras introduzidas no Brasil são provenientes da Austrália, Estados Unidos da América e Índia. Esses países colaboraram para a melhoria genética das variedades encontradas em nosso país. Para o consumo *in natura*, as variedades que se destacam são: Kumagai, Ogawa nº1 branca, Iwao, White Selection of Florida, Pentecoste, Ogawa nº1, Ogawa nº3, Rica, Paluma Sassaoka e Pedro Sato. Dentre estas, as variedades que mais se destacam no Brasil para o consumo *in natura* são 'Paluma' (Pereira; Ryosuke, 2011), 'Rica', 'Sassaoka', 'Pedro Sato', 'Cortibel' e 'Século XXI', que foram desenvolvidas por instituições de pesquisas e a partir de seleções de produtores (Pommer et al., 2006; Santos et al., 2011), e para o mercado de exportação são: 'Ogawa branca', 'Iwao', 'White Selection of Florida', 'Kumagai' e 'Banaras' (Kawati, 1997).

Segundo Maia et al. (2002), a goiaba é um dos frutos de maior importância nas regiões subtropicais e tropicais, não apenas pelo seu elevado valor nutritivo,

mas também pela excelente aceitação no consumo *in natura* além da capacidade de desenvolvimento em condições adversas e pela grande aplicação industrial. Na forma *in natura*, a goiaba contém bastante vitamina C, quantidades razoáveis de pró-vitamina A e vitaminas do complexo B, e sais minerais como cálcio, fósforo e ferro. As variedades para o consumo *in natura* já possuem características dessemelhantes a das industriais, independente se forem destinadas ao mercado interno ou externo. No Brasil, a preferência gira em torno das frutas com polpa de coloração vermelha, enquanto o mercado externo prefere as de polpa branca (Gonzaga Neto, 2007).

Em relação à qualidade do fruto, Pereira e Nachtigal (2002) discorrem que os valores aceitáveis de Acidez total titulável devem estar entre 1,5 a 2,0%, pois frutos mais ácidos permitem melhor conservação e controle da qualidade dos produtos industrializados, sendo que estes geralmente apresentam polpa de cor rosa-escura. A cor do produto final é importante para aceitação pelos consumidores e a preferência pelo produto ocorre quando este apresenta sabor e aroma característicos da goiaba fresca. A fruta de qualidade deve apresentar teores de sólidos solúveis totais de 10 a 12 °Brix. Para consumo de frutos *in natura* o tamanho da fruta é importante, uma vez que o consumidor prefere frutas de tamanho médio. Assim, tem-se melhorado cultivares que apresentem peso médio entre 198 e 340 gramas. Os frutos mais procurados são aqueles que apresentam poucas sementes e a cavidade da polpa bem cheia (Oliveira, et al., 2012).

Além da grande aceitação para o consumo *in natura*, a fruta é utilizada na fabricação de doces, compotas e geleias, sendo também empregada na forma de polpa processada, como ingrediente na indústria de sorvetes, flans e outras sobremesas. Ressalta-se, entretanto, seu curto período de conservação, que implica na necessidade de rápida comercialização ou processamento depois da colheita (Durigan, 1997). A qualidade da goiaba é influenciada pela variedade, pelas condições edafoclimáticas e pelas práticas culturais. Manejos inadequados na colheita e na pós-colheita aceleram os processos de senescência, afetando sensivelmente a qualidade e limitando, ainda mais, o período de comercialização (Manica et al., 2000). A goiaba é considerada fruto climatérico, exibindo intenso metabolismo, com aumento típico da respiração e da produção de etileno durante o amadurecimento (Ali e Lazan, 2001). Esta característica é responsável pela sua

alta perecibilidade, sendo a vida útil pós-colheita de apenas três dias quando a fruta é mantida em ambiente a 25-30 °C (Durigan, 1997).

3.1.2.2. Estudo de diversidade genética

A análise multivariada combina várias informações oriundas de uma única unidade experimental, inter-relacionando múltiplas variáveis simultaneamente. O surgimento da análise multivariada ocorreu por volta de 1901 e somente com o advento do uso computacional essas técnicas foram bem mais difundidas e utilizadas (Souza e Vicini, 2005). A escolha do método de análise multivariada deve ser realizada de acordo com os objetivos da pesquisa. Em um grupo de genótipos quando se pretende verificar como estes se relacionam quanto sua similaridade de acordo com as variáveis avaliadas, três métodos de análise multivariada se destacam a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos são os mais utilizados (Mohammadi e Prasanna, 2003). O método aglomerativo tem como princípio reunir os genótipos em grupos, de tal forma que haja homogeneidade dentro destes e heterogeneidade entre os mesmos. Esta metodologia depende do cálculo das medidas de dissimilaridade provenientes de variáveis quantitativas e qualitativas (Crossa e Franco, 2004).

Para a realização de um agrupamento, é necessário que uma medida de dissimilaridade entre os indivíduos avaliados seja tomada. E dentre essas medidas, Cruz et al. (2012) citam que para variáveis quantitativas, a distância euclidiana ou a de Mahalanobis podem ser utilizadas sendo que a distância euclidiana média padronizada é a mais utilizada para caracterização de germoplasma de plantas perenes. No entanto, para a análise da distância conjunta em dados mistos (qualitativos e quantitativos) é recomendado que se adote o algoritmo de Gower (1971). Este método permite que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessária a padronização das variáveis quantitativas e qualitativas. Alguns trabalhos, que se utilizam desta abordagem, são relatados, por exemplo, os estudos feitos com *Brassica napus* L. (Rodríguez et al., 2005), com *Triticuma estivum* L. (Vieira et al., 2007) e com *Solanum lycopersicum* (Gonçalves et al., 2008b).

No estudo realizado por Rocha et al. (2010) com o objetivo de caracterizar uma coleção de germoplasma de tomateiro do grupo cereja, com base em descritores qualitativos e quantitativos e utilizar o algoritmo de Gower na

quantificação da divergência genética. Os autores constataram que a divergência genética nos acessos que compõem este banco de germoplasma é considerável, sobretudo em relação a pragas e doenças. O método de Gower foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos e quantitativos é viável e pode permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre acessos de bancos de germoplasma.

Moreira et al. (2018) avaliaram 65 acessos de *C. chinense*, de diferentes regiões geográficas do Brasil, para características genotípicas de frutos, correlações entre características de frutos, parâmetros e diversidade genética, estrutura populacional e associações de marcadores de AFLP com características de frutos. Nos resultados, quando comparados os grupos formados por dados moleculares e características de frutos, não foram observadas associações, indicando que os dois estágios de caracterização são importantes. A análise da estrutura formou dois grupos, parcialmente concordantes com o agrupamento hierárquico molecular. Os marcadores da AFLP foram significativamente associados a várias características de frutos e considerados candidatos interessantes para estudos futuros.

Santos et al. (2019) observaram a capacidade discriminatória dos descritores de maracujá e determinaram sua importância relativa na caracterização de 91 genótipos de um programa de melhoramento para resistência ao vírus do mosaico transmitido por pulgões-da-videira. Na análise comparativa entre o dendrograma contendo todos os descritores e o dendrograma contendo apenas descritores de flores, folhas ou frutos evidenciou a necessidade do uso de um grande número de descritores na caracterização da diversidade genética em *Passiflora*, já que nem o número de grupos nem o arranjo entre genótipos permaneceram o mesmo. Embora sete descritores (comprimento da folha, largura da bráctea, comprimento do filamento longo da coroa, comprimento da sépala, largura do fruto, massa do fruto e massa da polpa do fruto) tenham mostrado pouca contribuição para a caracterização dos genótipos, seu descarte não é sugerido, pois contribui significativamente para o estudo da discriminação de divergência genética na população.

Outro procedimento que vem sendo amplamente utilizado para constatar a divergência genética e agrupar genótipos utilizando tanto caracteres quantitativos quanto qualitativos é o método *Ward Modified Location Model* (MLM) desenvolvido

por Franco et al. (1998). Alguns trabalhos utilizando a método Ward-MLM na quantificação da divergência genética vem sendo utilizado ao longo dos últimos anos.

No trabalho de Gonçalves et al. (2009) foi realizada uma análise conjunta da diversidade do banco de genes de tomate da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, no estado do Rio de Janeiro, utilizando o método Ward-MLM. Quarenta acessos de *Solanum lycopersicum* foram caracterizados e avaliados para 22 descritores morfoagronômicos e 131 marcadores aleatórios de DNA polimórfico amplificado. Observa-se com base nos critérios pseudo-F e pseudo-t (2), o número ideal de grupos foi estabelecido em cinco. A variabilidade dentro dos grupos foi alta para dados nominais, contínuos e discretos. As duas primeiras variáveis canônicas explicaram cerca de 90% da variabilidade intergrupos.

No estudo realizado por Sudré et al. (2010) com o objetivo de identificar, caracterizar acessos da coleção *Capsicum spp* e estimar a divergência genética entre acessos utilizando o procedimento Ward-MLM, os autores concluíram com base nos descritores qualitativos e quantitativos, que foi possível identificar todas as espécies e, juntamente com os descritores, os genótipos podem ser indicados com potencial para uso em vários setores de produção. Cinco foi determinado como o número ideal de grupos pelos critérios pseudo-F e pseudo-t². O procedimento permitiu a diferenciação das espécies *C. annum*, *C. frutescens*, *C. baccatum* e *C. chinense* em grupos separados. E o procedimento Ward-MLM mostrou algum nível de eficiência no agrupamento de espécies de *Capsicum* analisando dados morfológicos e agrônômicos simultaneamente.

Os autores Pestanana et al. (2011) realizaram um estudo com o objetivo de selecionar suposto mutante de variedade de banana "Pacovan" submetidos à irradiação de raios gama e estimar a diversidade genética usando caracteres agrônômicos e dados do marcador molecular ISSR através de algoritmos estatísticos multivariados. Nos resultados é possível verificar que o uso do Ward-MLM (Franco et al. 1998) por meio da abordagem combinada de dados permitiu obter resultados confiáveis quanto à variabilidade genética de bananas 'Pacovan' irradiadas usando raios gama. Esses resultados mostram que existe variabilidade genética que pode ser usada no programa de melhoramento da banana visando a obtenção de genótipos precoces de produção da bananeira.

Para a cultura da goiaba, os autores Campos et al. (2013) realizaram o estudo com o objetivo de quantificar a divergência genética entre 138 acessos de goiabeira procedentes do banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), com base em descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos, por meio do procedimento Ward - Modified Location Model (MLM). Nos resultados detectou-se ampla variabilidade genética pelas características morfológicas, agronômicas e físico-químicas nos 138 acessos de goiaba. Pelo procedimento da função da verossimilhança, determinou-se o número ideal de grupos. O procedimento Ward-MLM foi uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar os acessos utilizando, simultaneamente, variáveis qualitativas e quantitativas.

Com objetivo de estimar a divergência genética usando o procedimento Ward-MLM em 20 híbridos de milho cultivados no ecótono Cerrado-Pantanal baseada em nove caracteres agronômicos, os autores Ribeiro et al. (2015) verificaram a existência da variabilidade genética entre os híbridos de milho avaliados. Populações F_2 com alta variabilidade genética ou híbridos duplos com alto efeito heterótico podem ser obtidos pelo cruzamento de indivíduos do grupo II com grupo III. O procedimento estatístico Ward-MLM é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e grupo híbridos, utilizando características agronômicas.

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Local, delineamento e população avaliada

O experimento foi conduzido na estação experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara-RJ (Região Noroeste), (21°40' latitude sul, 42°04' longitude oeste e altitude de 76 m). O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo (Embrapa, 2006). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 18 famílias endogâmicas, três repetições e 10 plantas por parcela. As 18 famílias endogâmicas avaliadas neste experimento tiveram origem a partir de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011)

com um trabalho de pré-melhoramento. Após a análise molecular, foram realizados cruzamentos intraespecíficos dos acessos de *Psidium guajava*. Estas hibridações foram realizadas entre os sete genitores superiores e contrastantes encontrados via análise molecular RAPD, e deram origem a 17 famílias segregantes.

Essa população segregante de ampla variabilidade genética foi avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017a), onde as progênies mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas para dar origem às 18 famílias endogâmicas que compõem este experimento. As sementes obtidas dos frutos de autofecundações foram semeadas em tubetes (três sementes por tubetes) e mantidas em casa de vegetação. Em julho de 2014 foi realizado o plantio das mudas, em um espaçamento de 4 m entre linhas e 1,5 m entre plantas. A calagem e adubações de plantio e de cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações de Costa e Costa (2003), e foi utilizada a irrigação do tipo localizada por gotejamento.

Após 19 meses de plantio das 540 plantas do experimento, as mais precoces e produtivas foram avaliadas. Deste modo, 61 (plantas individuais) de goiabeira foram avaliadas por meio dos descritores definidos para a espécie *P. guajava*, conforme UPOV (1987) (International Union for the Protection of New Varieties of Plants) e descritos em Campos et al. (2013).

3.1.3.2. Fenotipagem

Foram avaliadas as seguintes características morfoagronômicas (Tabela 1). i) Caule – Diâmetro do caule a 10 cm do solo, a altitude dos ramos e a cor do caule em brotos jovens nos 61 genótipos, bem como cinco folhas jovens e completamente desenvolvidas e cinco frutos por planta. ii) Folhas – Os descritores qualitativos nas folhas jovens foram a presença de antocianina e a sua intensidade na coloração. Nas folhas completamente desenvolvidas foram avaliadas a forma, curvatura na seção transversal e da nervura central, cor verde, forma da base e da ponta. Foram avaliadas o comprimento, largura, relação comprimento/largura e o espaçamento entre as nervuras secundárias. iii) Frutos – Nos frutos foram avaliadas a forma final do pedúnculo, cor da casca, textura da superfície, diâmetro da cavidade do cálice em relação ao da fruta, cor da polpa e espessura da polpa exterior em relação ao diâmetro do núcleo. Os descritores quantitativos para fruto

foram número, peso do fruto, massa da placenta do fruto, massa de polpa do fruto, comprimento, diâmetro, índice de formato, espessura de polpa e da placenta do fruto (UPOV (1987) (International Union for the Protection of New Varieties of Plants)).

Tabela 1 – Classes fenotípicas dos descritores da planta, folha e fruto e número de goiabeira.

Descritores	Classificação
Árvore: altitude de ramos	Ereto Pendente
Broto Jovens: cor do caule	Verde Verde amarelo Vermelho escuro
Folha jovem: antocianina	Ausente Presente
Folha jovem: intensidade da coloração de antocianina	Fraco Médio
Folha completamente desenvolvida: forma	Ovada Obovada Obovolanceolada Oblongo
Folha completamente desenvolvida: curvatura na seção transversal	Médio Forte
Folha completamente desenvolvida: curvatura da nervura central	Ausente Presente
Folha completamente desenvolvida: cor verde	Verde amarelo Cinza verde Verde Verde escuro
Folha completamente desenvolvida: forma da base	Obtuso Arredondado Cordiforme
Folha completamente desenvolvida: forma da ponta	Apiculado Obtuso Arredondado
Fruto: forma final do pedúnculo	Amplamente arredondado Arredondado Truncado Com pescoço

Tabela 1 – Cont.

Descritores	Classificação
Fruto: cor da casca	Pálido verde amarelo
	Amarelo pálido
	Amarelo escuro
	Laranja
Fruto: textura da superfície	Suave
	Áspero
Fruto: diâmetro da cavidade do cálice em relação ao da fruta	Pequeno
	Médio
	Grande
Fruto: cor da polpa	Creme
	Rosa pálido
	Rosa
	Rosa escuro
Fruto: espessura da polpa exterior em relação ao diâmetro do núcleo	Rosa alaranjado
	Muito fina
	Fino
	Médio
	Espesso

3.1.3.2. Análise de diversidade genética pela técnica de Gower e agrupamento pelo método UPGMA

Na análise de diversidade genética foram empregados os métodos multivariados, utilizando variáveis quantitativas e qualitativas. Primeiramente, o índice de Gower (1971) foi utilizado para avaliar as características quantitativas e qualitativas. Foram construídas matrizes e, posteriormente dendrogramas. Inicialmente, foi construída a matriz principal, a qual contém os 29 descritores, que serviu como referência para a análise de dados. Posteriormente, foram construídas as matrizes contendo os descritores de caule, folhas e frutos, separadamente. Foi gerada a estimativa do índice de dissimilaridade que varia de 0 a 1.

A dissimilaridade foi obtida por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{K=1}^p W_{ijk}}, \quad (1)$$

em que:

i e j = indivíduos a serem comparados em relação a característica k ;

p = número total de características; e

S_{ij} = a contribuição da variável k para a distância total.

Se a variável foi qualitativa, S_{ijk} assumiu o valor **1**, quando houve concordância positiva ou negativa para a característica k entre os indivíduos i e j ; e, em caso contrário, quando a variável é quantitativa tem-se:

$$S_{ij} = \frac{|Y_{ik} - Y_{jk}|}{R_k}, \quad (2)$$

em que:

R_k = amplitude de variação da variável k , assumindo valores **0** e **1** ou inteiros entre estes.

O valor de w_{ijk} foi um peso usado para definir as contribuições dos S_{ijk} 's individuais. Nesse aspecto, quando o valor da variável k foi ausente em um ou ambos os indivíduos, $w_{ijk} = 0$; ou, em caso contrário, igual a **1**.

Com base nas matrizes de distâncias geradas, os indivíduos foram agrupados pelo método UPGMA (*Unweighted, Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e as matrizes de distância com as 29 variáveis foram comparadas com as matrizes de distância com menos variáveis (folhas e frutos) utilizando-se o pacote Dendextend no programa R (2015) (<http://www.r-project.org>).

3.1.3.3. Importância relativa dos caracteres

Para sugestão de descarte dos descritores quantitativos menos informativos utilizou-se um método com base na importância relativa das características (Singh, 1981) onde a importância relativa dos caracteres foi estimada por meio da participação dos componentes, relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada. A análise foi realizada utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz, 2013).

3.1.3.3. Correlação de Pearson

A correlação de Pearson foi utilizada para verificar a correlação entre os descritores quantitativos, uma vez que os caracteres passíveis de descarte devem estar correlacionados a outros selecionados. A significância do coeficiente de

correlação foi verificada pelo teste de t. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa R (2011). As análises de correlação linear (Pearson) basearam-se na significância de seus coeficientes. A classificação de intensidade da correlação para $p \leq 0,05$ é: muito forte ($r \pm 0,91$ a $\pm 1,00$), forte ($r \pm 0,71$ a $\pm 0,9$), média ($r \pm 0,51$ a $\pm 0,70$) e fraca ($r \pm 0,31$ a $\pm 0,50$) (Carvalho et al., 2004).

3.1.3.4. Análise da diversidade genética pelo método Ward-MLM

Posteriormente a análise realizada pelo Índice de Gower, o método Ward-MLM (*Ward-Modified Location Model*) proposto por Franco et al. (1998) foi empregado conforme descrito por Viana e Resende (2014). Depois, foi realizada a definição do número ideal de grupos de acordo com os critérios do pseudo F e pseudo T^2 , pelo método de agrupamento Ward (Ward, 1963). De acordo com o número ótimo de grupos, a classificação hierárquica foi obtida pelo método de Ward, que fornece os parâmetros necessários para implementar o passo final do modelo MLM (Crossa e Franco, 2004).

As diferenças entre os grupos, a correlação entre as variáveis e a variável canônica (VC) foram analisadas graficamente. As análises foram realizadas usando o software estatístico SAS (SAS Institute, 2009). Os diagramas foram obtidos utilizando o software Sigma Plot, versão 11.0.

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1. Análise comparativa e agrupamento pelo método UPGMA

Com base na matriz de dissimilaridade gerada pelas variáveis quantitativas e qualitativas foi possível estabelecer a discriminação entre os genótipos das famílias endogâmicas S_1 de *Psidium guajava*. Na análise de agrupamento dos 61 genótipos, o método de UPGMA permitiu a formação de três grupos distintos quando todos os 29 descritores morfoagronômicos foram utilizados, indicando haver diversidade genética entre os genótipos avaliados. O grupo I foi constituído por 42 genótipos, o grupo II por 7 genótipos, e o grupo III por 12 (Figura 1). A análise

de agrupamento tem por finalidade reunir os genótipos em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. E dentre os métodos de análises multivariadas utilizadas para quantificar a diversidade genética, o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) destaca-se porque se trata de uma técnica que utiliza as médias não ponderadas das medidas de dissimilaridade, evitando, assim, caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados (Cruz et al., 2014).

Ao comparar os dendrogramas, observa-se que o emaranhamento obtido foi de 0,28 no dendrograma contendo os descritores de folha. Os grupos I e II foram formados por 51 e 10 genótipos respectivamente (Figura 1). Na comparação com o dendrograma contendo apenas descritores de fruto apresentou emaranhamento de 0,24. Observa-se também a formação de três grupos, sendo o grupo I formado por 43 indivíduos, o grupo II por 13, e o grupo III por 5 genótipos. (Figura 2). O valor de emaranhamento, que mede a correspondência de genótipos entre dendrogramas distintos variando de 0 a 1, onde 0 indica dendrogramas totalmente correspondentes e 1 dendrograma sem nenhuma correspondência.

Diante dos resultados da análise comparativa entre o dendrograma contendo todos os 29 descritores com dendrograma com apenas descritores foliares ou de fruto, evidencia-se a possibilidade da utilização de descritores mínimos na caracterização da divergência genética do *Psidium guajava*, uma vez que tanto o número de grupos quanto o arranjo entre os genótipos nas análises, se mantiveram semelhantes. Deste modo, mediante os resultados encontrados há possibilidade de indicar descritores mínimos para a cultura.

Os resultados encontrados nesse estudo foram diferentes dos obtidos por Santos et al. (2019) que utilizaram o pacote Dextend na comparação entre os dendrogramas, contendo todos os descritores e o dendrograma contendo apenas descritores de flor, folha ou fruto. Os autores evidenciaram a necessidade de utilizar diferentes descritores na caracterização da diversidade genética em Passiflora, já que nem o número de grupos nem o arranjo entre genótipos permaneceram o mesmo.

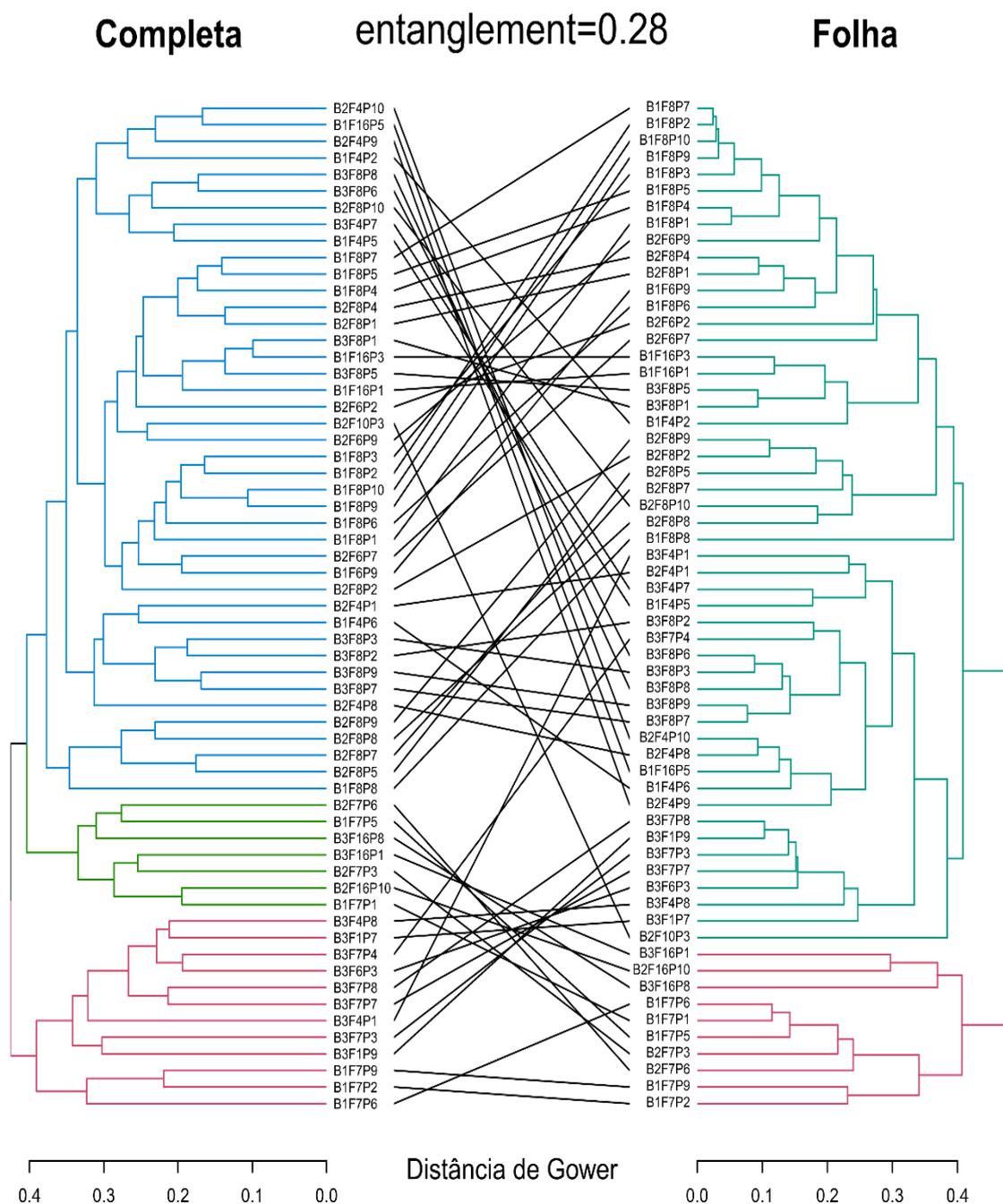


Figura 1. Emaranhamento entre 61 genótipos famílias endogâmicas S₁ de *Psidium guajava*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas de fruto, folha e caule, e apenas de folha/caule. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

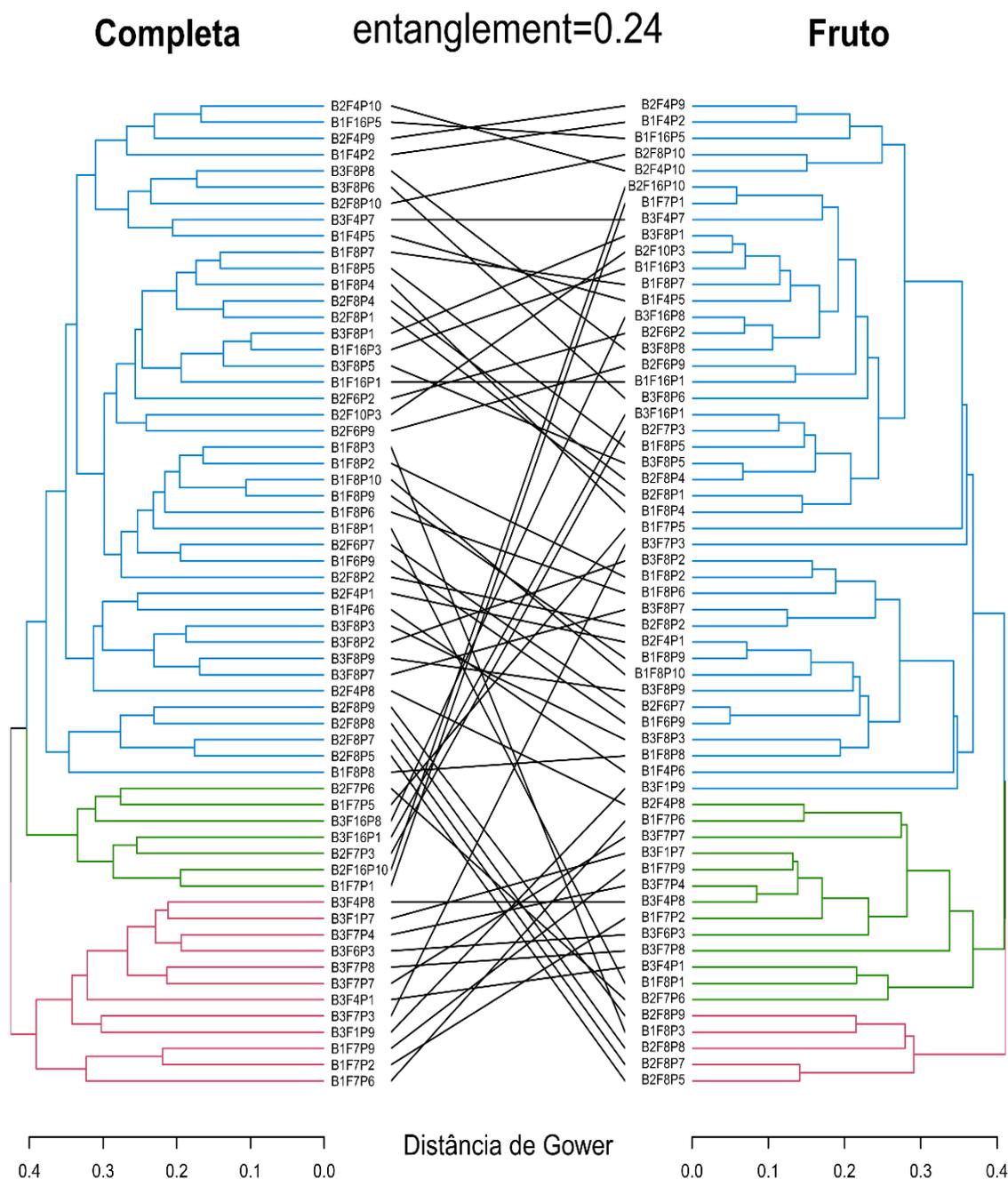


Figura 2. Emaranhamento entre 61 genótipos famílias endogâmicas S_1 de *Psidium guajava*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas de fruto, folha e caule, e apenas de fruto. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

3.1.4.2. Importância relativa dos caracteres

Na Tabela 2 verifica-se a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a diversidade (S_j) e os seus valores percentuais, que constituem a medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética. De acordo com o método proposto por Singh (1981), utilizado para avaliar a contribuição relativa dos 14 caracteres quantitativos, determinou-se que quatro desses caracteres contribuíram com 99,72% para a divergência genética, enquanto os demais caracteres contribuíram com apenas 0,28%. As características com os maiores valores de contribuição relativa e que mais contribuíram para a diferenciação dos genótipos foram peso do fruto (91,95%), peso de placenta (3,68%), massa de polpa do fruto (3,15%) e número de fruto (0,94%). Portanto, de acordo com este critério, pode-se afirmar que esses descritores são importantes na caracterização dos genótipos de goiabeira avaliados, pois fornecem contribuições importantes (mais de 1,0% da variação total) na discriminação de divergência.

Verifica-se que os caracteres formato do fruto, relação comprimento/largura da folha e espaçamento nervura secundária da folha não apresentaram contribuição relativa, podendo assim, ser recomendadas para descarte. As demais variáveis foram pouco informativas para avaliação da dissimilaridade genética da goiabeira, devido às mesmas possuírem estimativas de contribuição relativa de pequenas magnitudes.

Entretanto, a baixa variabilidade para alguns descritores pode ser explicada devido à primeira geração de autofecundação realizada, na qual proporciona o aumento da homozigose e decréscimo da heterozigose na descendência, possibilitando assim a obtenção de genótipos mais homogêneos devido a consequente fixação alélica (Falconer e Mackay, 1996). Por ter mostrado pouca contribuição para a caracterização dos genótipos, seu descarte é sugerido, pois não contribui significativamente para a discriminação de divergência genética na população.

Tabela 2. Contribuição relativa de quatorze descritores morfoagronômicos quantitativos de *Psidium guajava* para divergência genética pelo método de Singh. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Variável	S.j	Valor em %	Variável	S.j	Valor em %
NF	2812934,0	0,9421	EP	18968,473	0,0064
PF	274565889,88	91,9556	EPL	92401,496	0,0309
MPF	9422903,2574	3,1559	DC	280333,42	0,0939
PPL	11009066,3	3,6871	CF	3435,48	0,0012
CF	214773,6568	0,0719	LF	1723,7072	0,0006
DF	162477,8932	0,0544	CF/LF	137,4554	0,0
FF	23,7092	0,0	ENS	92,3556	0,0

NF: número de fruto; PF: peso do fruto; MPF: massa da polpa do fruto; PPL: peso de placenta; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; FF: formato do fruto; EP: espessura de polpa; EPL: espessura de placenta; DC: diâmetro do caule; CF: comprimento da folha; LF: largura da folha; CF/LF: relação comprimento/largura da folha; ENS: espaçamento de nervura secundária.

3.1.4.3. Correlação de Pearson

Para explicar as relações entre os caracteres de importância econômica, as estimativas de correlações devem ser consideradas satisfatórias, ou seja, $r > \pm 0,50$ (Greco et al., 2014). O peso do fruto mostrou-se altamente correlacionada com massa da polpa de fruto (0,54), peso de placenta (0,88) e diâmetro do fruto (0,64). A massa da polpa do fruto foi altamente correlacionada com o comprimento do fruto (0,87), diâmetro do fruto (0,92), espessura da polpa (0,67) e espessura da placenta (0,62) (Figura 3).

Essas correlações com o peso dos frutos eram esperadas, pois indicam que genótipos com frutos mais pesados produzem tipicamente frutos mais largos, e com conseqüente maiores massas de polpa. Sendo assim, essas estimativas de correlação permitem predizer a resposta de uma característica quando se realiza a seleção em outra correlacionada, ou seja, torna possível, por exemplo, a seleção em uma característica de fácil mensuração para obter ganhos em outra de difícil mensuração (Oliveira et al., 2011).

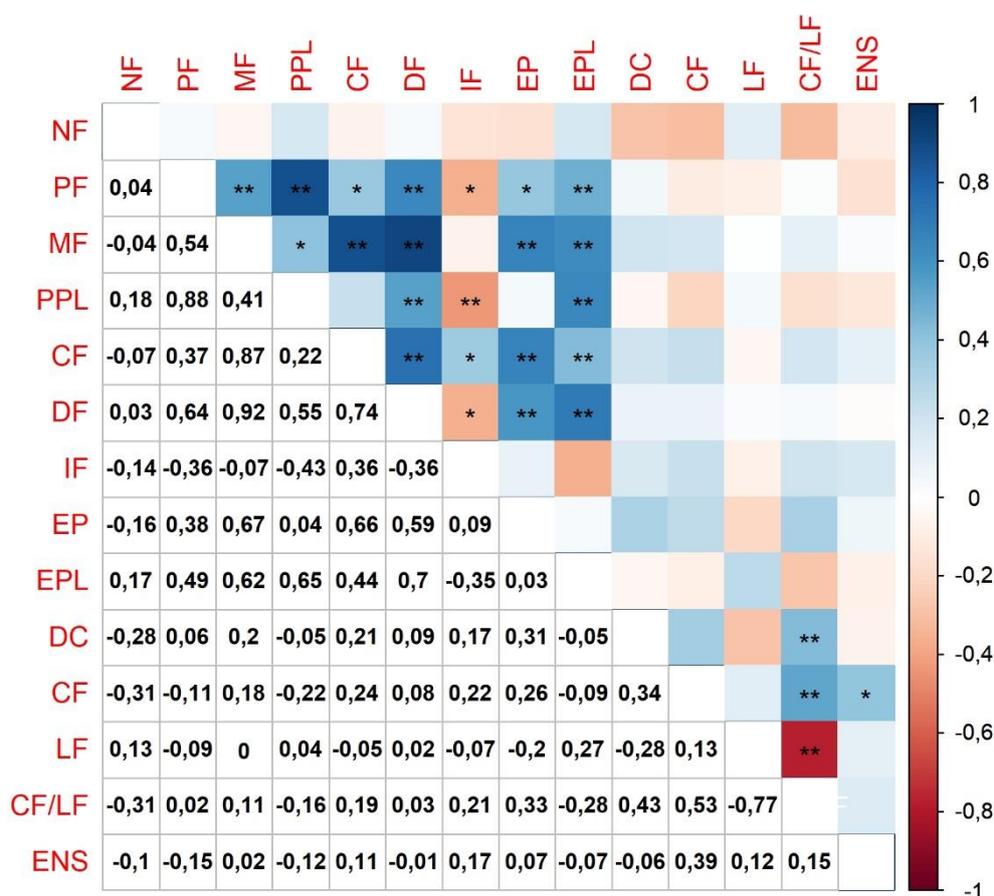


Figura 3. Matriz de correlação linear (Pearson) entre caracteres de *Psidium guajava* obtidos de 61 genótipos. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020). (NF: número de fruto; PF: peso do fruto; MPF: massa da polpa do fruto; PPL: peso de placenta; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; FF: formato do fruto; EP: espessura de polpa; EPL: espessura de placenta; DC: diâmetro do caule; CF: comprimento da folha; LF: largura da folha; CF/LF: relação comprimento/largura da folha; ENS: espaçamento de nervura secundária).

3.1.4.4. Análise de agrupamento por meio da estratégia Ward-MLM

De acordo com a estratégia Ward-MLM, foram formados dois grupos de acordo com os critérios do pseudo F e pseudo t^2 (Figura 4). O número ideal de grupos foi verificado onde ocorreu maior incremento na função logarítmica, sendo verificado o maior valor absoluto de 41,98. A indicação do número de grupos é um aspecto inovador do procedimento Ward-MLM, comparando com outros métodos hierárquicos, e resulta em uma formação de agrupamento mais precisa e menos subjetiva (Gonçalves et al., 2009; Barbé et al., 2010).

No trabalho realizado por Campos et al. (2013) com 138 genótipos de goiabeira obtidos de cruzamentos controlados biparentais, determinou-se o número ideal de grupos, com um valor de incremento de 67,51. Os autores observaram um considerável grau de heterozigose e ampla variabilidade genética nesses genótipos, por se tratar de uma população segregante. Deste modo, vale destacar que os resultados contrastam com os encontrados neste estudo, no qual foi verificado apenas a formação de dois grupos. Este fato observado entre os genótipos das famílias S₁ é devido a redução da variabilidade genética dentro das famílias e consequentemente o aumento das frequências de homozigose na primeira geração de autofecundação.

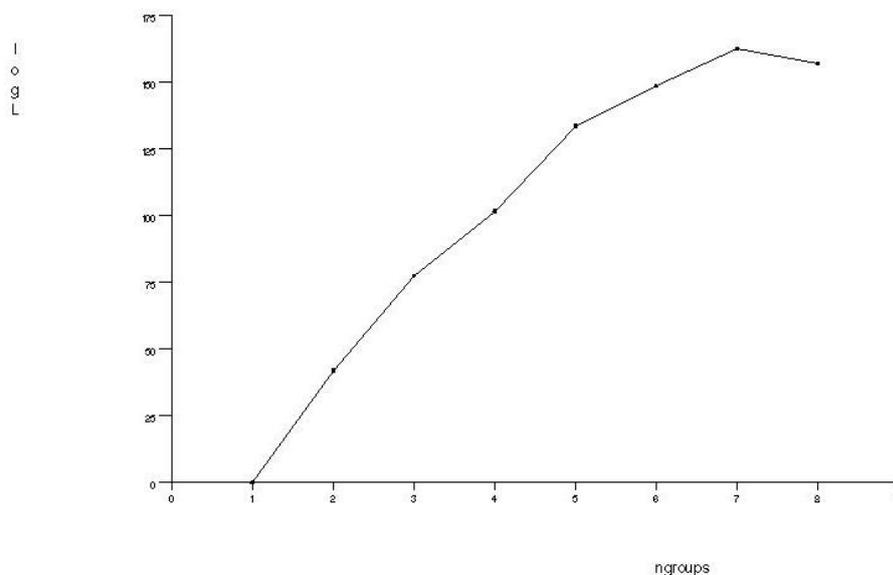


Figura 4 – Função logarítmica de probabilidade (Log-Likelihood), demonstrando o número de grupos formados pela estratégia Ward-MLM. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Os grupos I e II foram formados por 33 e 28 genótipos, respectivamente. Os genótipos foram classificados nas 49 classes fenotípicas dos 15 descritores qualitativos avaliados, demonstrando uma baixa variabilidade genética entre os genótipos das famílias endogâmicas S₁ de goiabeira em estudo (Tabela 3). Em relação às características qualitativas, o descritor sobre a altitude dos ramos apresentou (6,5%) ereto e (65,5%) pendente. Na característica cor do caule,

verifica-se (39,2%) de cor verde, (42,6%) verde amarelo e (18,1%) vermelho escuro.

Nos descritores, verificou-se forte diferenciação na magnitude da presença de antiocianina nas folhas, com percentuais de 16,4% e 83,6%, respectivamente. Em relação à intensidade da coloração de antocianina nas folhas, foi observado que em 52,5% houve fraca tonalidade ao passo que em 47,5% foi média. Nas folhas completamente desenvolvidas, a maioria dos genótipos possui a forma obovada (57,4%), com a forma da base (63,9%) e ponta (83,6%) arredondada. Observou-se ainda que 59 % dos genótipos não possuem curvatura da nervura central nas folhas. Dentre aqueles que possuem, 65,6 % foram classificados como curvatura da nervura central forte. Já, a cor da folha predominante foi da cinza verde, ocorrida em 47,5% dos genótipos, seguida da verde (26,2%), verde amarelo (23%) e verde escuro (3,3%).

Com relação aos descritores de frutos, os genótipos apresentaram forma final do pedúnculo truncado (54,1%), arredondado (26,2%), amplamente arredondado (18,1%) e com pescoço (1,6%). Para a textura da casca, 93,4 % dos genótipos apresentaram textura suave e 6,6% áspera. Já, 59% dos genótipos tiveram cor da casca amarelo pálido, 23% pálido verde amarelo, 14,7% amarelo escuro e 3,3% laranja. Pereira e Nachtigal (2002) destacaram que frutos de coloração verde amarelada ou amarela, quando maduros, são mais apreciados comercialmente.

Para o descritor cor da polpa, os genótipos foram classificados em cinco categorias, variando de creme a rosa alaranjado, mas com predominância da cor rosa escuro, o que ocorreu com 37,7% dos genótipos. Segundo Pereira e Nachtigal (2002), frutos de polpa rosada ou avermelhada são preferidos tanto para a indústria como para o consumo *in natura* no mercado nacional.

No diâmetro da cavidade do cálice em relação ao da fruta, 63,9% dos genótipos foram classificados como médio. Em relação à espessura da polpa exterior em relação ao diâmetro do núcleo, os genótipos foram classificados em médio (68,8%), espesso (21,3%), fina (6,6%) e muito fina (3,3%). Esses descritores mostram-se importantes na escolha de genótipos visando o consumo *in natura*, pois estão relacionados a fatores que depreciam o produto, caso estes não sejam atrativos aos consumidores.

Tabela 3 – Classes fenotípicas dos descritores da planta, folha e fruto e número de genótipos de famílias endogâmicas S₁ de goiabeira por grupo formado pela estratégia Ward-MLM. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2019).

Descritores	Classificação	Grupos		Total (%)
		I (33)	II (28)	
Árvore: altitude de ramos	Ereto	2	2	6,5
	Pendente	31	26	93,5
Broto Jovens: cor do caule	Verde	12	12	39,3
	Verde amarelo	14	12	42,6
	Vermelho escuro	7	4	18,1
Folha jovem: antocianina	Ausente	5	5	16,4
	Presente	28	23	83,6
Folha jovem: intensidade da coloração de antocianina	Fraco	21	11	52,5
	Médio	12	17	47,5
Folha completamente desenvolvida: forma	Ovada	2	3	8,2
	Obovada	20	15	57,4
	Obovolanceolada	2	2	6,6
	Oblongo	9	8	27,8
Folha completamente desenvolvida: curvatura na seção transversal	Médio	13	8	34,4
	Forte	20	20	65,6
Folha completamente desenvolvida: curvatura da nervura central	Ausente	24	12	59,0
	Presente	9	16	41,0
Folha completamente desenvolvida: cor verde	Verde amarelo	9	5	23,0
	Cinza verde	15	14	47,5
	Verde	8	8	26,2
	Verde escuro	1	1	3,3
Folha completamente desenvolvida: forma da base	Obtuso	4	3	11,5
	Arredondado	20	19	63,9
	Cordiforme	9	6	24,6
Folha completamente desenvolvida: forma da ponta	Apiculado	-	1	1,6
	Obtuso	5	4	14,8
	Arredondado	28	23	83,6
Fruto: forma final do pedúnculo	Amplamente arredondado	8	3	18,1
	Arredondado	10	6	26,2
	Truncado	15	18	54,1
	Com pescoço	-	1	1,6
Fruto: cor da casca	Pálido verde amarelo	10	4	23,0
	Amarelo pálido	18	18	59,0
	Amarelo escuro	5	4	14,7
	Laranja	-	2	3,3
Fruto: textura da superfície	Suave	29	28	93,4
	Áspero	4	-	6,6

Tabela 3 – Cont.

Descritores	Classificação	Grupos		Total (%)
		I (33)	II (28)	
Fruto: diâmetro da cavidade do cálice em relação ao da fruta	Pequeno	3	9	19,7
	Médio	24	15	63,9
	Grande	6	4	16,4
Fruto: cor da polpa	Creme	2	8	16,4
	Rosa pálido	11	3	23,0
	Rosa	8	5	21,3
	Rosa escuro	11	12	37,7
	Rosa alaranjado	1	-	1,6
Fruto: espessura da polpa exterior em relação ao diâmetro do núcleo	Muito fina	2	-	3,3
	Fino	4	-	6,6
	Médio	23	19	68,8
	Espesso	4	9	21,3

Em relação aos descritores quantitativos, o grupo II apresentou o maior número de frutos por planta (125) seguido pelo grupo I (111) (Tabela 4). No entanto, dentro dos dois grupos houve ampla variação, conforme se observa pelo desvio padrão, sendo de 32 e 31 para os grupos II e I, respectivamente. Ao comparar com a cultivar ‘Paluma’ que produz em média 188 frutos por planta, o potencial produtivo ainda é inferior. Mas esse fato já era esperado, pois a avaliação foi realizada no primeiro ano de cultivo. De acordo com Natale et al. (2009) a goiabeira produz frutos já no primeiro ano e, ao longo das safras a produção aumenta gradativamente, até se estabilizar. Embora o número de frutos produzidos por alguns genótipos não se aproxime do encontro em algumas cultivares, as famílias deste estudo se encontram nas primeiras safras, podendo ter um acréscimo na produção ao longo dos ciclos.

A característica peso dos frutos também obteve variação dentro dos grupos, sendo que o grupo II apresentou o maior valor (329 g). Houve magnitudes elevadas para peso do fruto, o que é um reflexo da primeira produção, quando as plantas ainda não expressaram todo o seu potencial produtivo, e por isso produzem frutos maiores. Em geral, a tendência é a massa do fruto diminuir com a estabilização da produção comercial, quando a planta tende a produzir maior número de frutos. Segundo Gonzaga Neto et al., (1997), o aumento do peso médio dos frutos está relacionado com o número de frutos produzidos por planta, assim sendo, a maior quantidade de frutos na planta pode induzi-la a produzir frutos

menores em peso e tamanho, pois as reservas disponíveis seriam usadas para o enchimento de maior número de frutos limitando o tamanho alcançado por cada um deles. Entretanto, o grupo I apresentou média de peso de fruto de 177.2g. Deste modo, esses valores estão dentro do padrão recomendado para consumo, pois segundo Lima et al. (2002), frutos que variam de 100 a 200 g possibilitam o uso para dupla finalidade, ou seja, podem ser destinados tanto para processamento industrial, bem como ao consumo *in natura*.

O grupo II também apresentou maior valor da média para a massa de polpa do fruto (242g) e massa da placenta do fruto (47,9g), conseqüentemente, maior comprimento (101mm) e diâmetro (82,48mm) de fruto. A característica massa de polpa é de suma importância, pois contribui para definição do rendimento de polpa. Segundo Gonzaga Neto et al. (1987), a massa média do fruto é uma característica importante, uma vez que, em geral, os frutos de maior massa de polpa são também os de maior tamanho, e estes, por sua vez, são mais atrativos ao consumidor.

Para o índice de formato de fruto, os valores foram próximos entre os grupos, em que a média foi de 1,3. A análise dessas variáveis, isoladamente, tem pouca importância para a caracterização dos frutos dos genótipos de goiabeira (Lima et al., 2002). Entretanto, a relação entre essas variáveis é bastante representativa, pois indica o formato do fruto. Os frutos piriformes ou ovalados (relação DL/DT maior do que 1) podem ser destinados ao consumo *in natura*, e aqueles com formas arredondadas (relação DL/DT próxima a 1) são mais indicados para a industrialização (Gonzaga Neto et al., 1991).

Os grupos tiveram médias próximas entre eles para os descritores espessura da placenta e espessura polpa do fruto, com valores médios de 39,35 e 12,96, respectivamente. Para o diâmetro de caule a 10 cm do solo, o grupo I expressou média de 67,5 mm, seguido do grupo II com 66 mm. Para os descritores relacionados à folha, os grupos I e II tiveram valores semelhantes para o comprimento, largura, relação comprimento/largura e espaçamento entre nervuras, resultando uma menor média da relação comprimento/largura de (1,89) apresentando a característica de folha mais arredondada. O comprimento e a largura da folha são importantes por serem correlacionados com a área foliar da planta. A área foliar tem relação direta com o aproveitamento da energia solar, que é transformada em energia química durante o processo de fotossíntese (Francisco et al., 2014).

Tabela 4 – Médias e desvio-padrão das variáveis para cada um dos dois grupos formados pela estratégia Ward-MLM em 61 genótipos de famílias S₁ endogâmicas de goiabeira. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2019).

Descritores	Grupos		Média geral
	I (33)	II (28)	
Número de frutos (un)	31,00±111,00	32,0 ±125,00	57,90±71,50
Peso do fruto (g)	42,8±177,2	55,2±329	60,3±253
Massa de polpa de fruto	35,7±140,2	45,2 ± 242	55,5±164,11
Massa da placenta do fruto (g)	9,5± 37,0	11±47,9	9,8±42,4
Comprimento do fruto (mm)	61,20±85,28	65,30±101,00	74,01±77,90
Diâmetro do fruto (mm)	51,83±76,83	58,07±82,48	64,83 ±70,74
Índice de formato do fruto	0,99±1,30	1,00±1,33	1,145±1,09
Espessura de polpa do fruto (mm)	10,61±17,37	11,38±21,90	12,96±14,77
Espessura da placenta do fruto (mm)	29,64±47,13	32,24±54,33	39,35 ±41,47
Diâmetro do caule a 10 cm do solo (mm)	5,10±67,50	45,50±66,00	49,56 ±53,12
Comprimento da folha (cm)	14,16±17,22	12,50±17,38	15,56±15,21
Largura da folha (cm)	6,98±9,50	6,50±9,50	8,26 ±7,86
Relação comprimento/largura da folha	1,58±2,26	1,66±2,43	1,89 ±1,94
Espaçamento nervura secundária da folha	0,83±1,42	0,80±1,50	1,14±1,13

As duas primeiras variáveis canônicas (VC) obtidas pela estratégia Ward-MLM explicaram 100 % da variação total, sendo 83% da VC1 e 17% da VC2 (Figura 4). Assim, uma representação bidimensional é a mais adequada para representar o conjunto de dados. O procedimento Ward-MLM foi empregado para quantificar a variabilidade genética em pesquisas sobre o milho (Gutierrez et al. 2003; Franco et al., 2005; Ortiz et al, 2008), nabo-alimentação (Padilha et al, 2005), tomate (Goncalves et al., 2009), feijão comum (Cabral et al., 2010), pimentão/pimenta (Sudré et al., 2010) e banana (Pestana et al., 2011). Esses autores observaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram a variabilidade entre os grupos superior a 80% e o gráfico bidimensional foi adequado para visualizar a relação entre os grupos. Assim, esse alto valor indica que a representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas é adequada para verificar a relação entre grupos e indivíduos dentro de um grupo, aumentando a confiabilidade dos resultados.

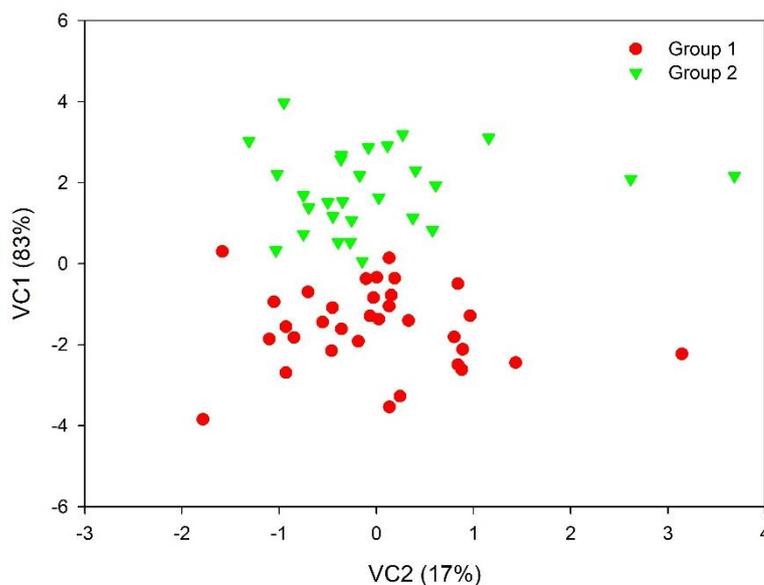


Figura 5 – Dispersão das duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) representando a formação de dois grupos pela estratégia Ward-MLM, com base em 14 descritores quantitativos e 15 qualitativos em famílias endogâmicas S₁ de goiabeira. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Os descritores quantitativos que mais contribuíram para quantificar a diversidade genética existente entre os genótipos, ou seja, aqueles que apresentaram os maiores coeficientes de parentesco na primeira variável canônica foram: massa de polpa do fruto (0,549), peso do fruto (0,533), diâmetro do fruto (0,515), espessura da polpa do fruto (0,462), massa da placenta do fruto (0,455), largura da folha (-0,341055), índice de formato do fruto (-0,331385), comprimento do fruto (0,295) e número de fruto (0,285) (Tabela 5). No trabalho desenvolvido por Campos et al. (2013), com acessos de goiabeira, os autores verificaram que as maiores correlações das variáveis com a primeira variável canônica foram a massa de polpa, massa de fruto, diâmetro do fruto, peso médio do fruto, espessura do mesocarpo e massa fresca de placenta. Diante do exposto, vale ressaltar que o conhecimento das características morfoagronômicas avaliadas neste trabalho é essencial em programas de melhoramento de plantas, sobretudo para subsidiar futuros cruzamentos e/ou autofecundações do programa de melhoramento genético de goiabeira. Com a caracterização da diversidade genética das famílias endogâmicas S₁ de goiabeira, é possível a identificação de genótipos agronomicamente superiores, o que

proporcionará ganhos mais vantajosos em função da sua seleção. Com esse trabalho, foi possível melhor robustez na escolha dos genótipos que foram selecionados e autofecundados a fim de se obterem genótipos mais promissores e uniformes no desenvolvimento do programa de melhoramento.

Tabela 5 – Variáveis canônicas de 29 descritores da planta, fruto, folha e caule em 61 genótipos de famílias endogâmicas S₁ de goiabeira. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Descritores	Variáveis canônicas (VC)	
	VC1	VC2
Número de frutos (un)	0,285083	-0,096821
Peso do fruto (g)	0,533293	-0,231880
Massa de polpa do fruto (g)	0,549536	-0,200411
Massa da placenta do fruto (g)	0,455765	-0,228783
Comprimento do fruto (mm)	0,295039	-0,147165
Diâmetro do fruto (mm)	0,515987	-0,239606
Índice de formato do fruto	-0,331385	0,142376
Espessura de polpa do fruto (mm)	0,462197	-0,198141
Espessura da placenta do fruto (mm)	0,245262	-0,168313
Diâmetro do caule a 10 cm do solo (mm)	0,236233	-0,062005
Comprimento da folha (cm)	-0,212856	0,045014
Largura da folha (cm)	-0,341055	0,165505
Relação comprimento/largura da folha	0,162700	-0,041308
Espaçamento nervura secundária da folha (cm)	-0,022226	0,026963

3.1.5 CONCLUSÕES

A análise comparativa entre dendrogramas mostrou que a utilização de todos os 29 descritores gerou maior eficiência na discriminação dos grupos, permitindo obter, com maior eficiência, a dissimilaridade genética entre as famílias endogâmicas de goiabeira.

As características com maior contribuição relativa para a variabilidade genética nas famílias avaliadas foram peso do fruto, massa de placenta do fruto, massa de polpa do fruto e número de fruto.

O procedimento estatístico Ward-MLM é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar os genótipos, e por meio desta metodologia os

descritores que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos de goiabeira foram massa de polpa do fruto, peso do fruto, diâmetro do fruto, espessura da polpa do fruto, massa da placenta do fruto, largura da folha, índice de formato do fruto, comprimento do fruto e número de frutos.

3.2 SUPERIORIDADE GENOTÍPICA DE FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* POR MODELAGEM MISTA APLICADA A SELEÇÃO TRUNCADA E SIMULTÂNEA

3.2.1 INTRODUÇÃO

A goiaba, *Psidium guajava* L., pertence à família Myrtaceae, da ordem Myrtilflorae (Myrtales), na qual é composta por cerca de 140 gêneros e 3.500 espécies de árvores e arbustos, sendo que no Brasil foram registrados 23 gêneros e 997 espécies (Sobral et al., 2014). Em 2018, o Brasil deteve uma produção de 460.515 mil toneladas, com rendimento médio de 22.791 kg ha⁻¹ ano⁻¹, em uma área de 20.294 mil hectares. Em nível nacional as regiões que apresentam maior produção de goiaba são o Nordeste (214.478 mil toneladas) e o Sudeste (210.860 mil toneladas). Em relação aos Estados com maior produção, destacam-se São Paulo, Pernambuco, Bahia, Ceará e Rio de Janeiro. O cultivo da goiabeira no Estado do Rio de Janeiro está em expansão, principalmente na região Norte e Noroeste Fluminense, por apresentar condições favoráveis de cultivo a esta cultura (IBGE, 2018). Assim, o Brasil possui áreas de clima e solo favoráveis à produção comercial da goiabeira, sendo esse um aspecto importante devido ao valor nutritivo da fruta, como também, pela perspectiva que representa no incremento da produção agrícola, na ampliação da atividade industrial e no potencial de exportação (Rozane e Couto, 2003).

Em relação à reprodução da goiabeira, sabe-se que esta cultura apresenta uma taxa de autofecundação maior que a de fecundação cruzada. Entretanto, a taxa de alogamia é considerada alta, entre 25,7 a 41,3 %, considerando uma média de 33,5 %. Sendo assim, a goiabeira é classificada como sistema de reprodução misto autógama-alógama (Medina,1988). E mesmo apresentando alta taxa de autofecundação, a goiabeira quando propagada sexuadamente, torna os pomares mais heterogêneos, apresentando desuniformidade entre os genótipos. Por conseguinte, torna-se necessária a realização de estudos voltados para obtenção de linhagens para a fixação de alelos favoráveis em genótipos de interesse, disponibilizando, assim, aos produtores materiais superiores e homogêneos para seus pomares.

Nesse contexto, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), vem desenvolvendo um programa de melhoramento genético da goiaba (*P. guajava*), há doze anos com a obtenção de resultados promissores (Pessanha et al., 2011; Campos et al., 2013; Oliveira et al., 2014; Campos et al., 2016; Quintal et al., 2017 a,b). Nestes estudos, constatou-se que a obtenção de famílias endogâmicas é uma possibilidade exequível para a formação de populações superiores. O cruzamento entre indivíduos aparentados ou autofecundados, provoca aumento da homozigose e decréscimo da heterozigose na descendência, o que é uma alternativa viável para a obtenção de frutos homogêneos em pomares comerciais de goiabeira, com consequente fixação alélica (Falconer e Mackay, 1996). A obtenção destes tipos de populações permitem que alelos recessivos de efeito desfavorável, encobertos nos heterozigotos, se manifestem em homozigose, causando redução no valor adaptativo do indivíduo, denominado de depressão por endogamia ou perda de vigor, no caso da goiabeira esse fenômeno não tem sido verificado, o que permite o uso destas estratégias em programas de melhoramento para a cultura. Com base nesta premissa, a avaliação desta endogamia parcial sobre os diversos atributos de importância para o melhoramento da goiabeira é fundamental, visto que nova variabilidade genética pode ser adicionada ao programa em execução.

Além disso, uma etapa importante no melhoramento genético da goiabeira, principalmente nas fases iniciais é a caracterização agrônômica e estimativas de parâmetros genéticos nas famílias S₁ por orientarem na escolha de genitores e no planejamento dos indivíduos superiores que serão selecionados e futuramente

autofecundados. Deste modo, vale ressaltar a importância da adoção de métodos de seleção precisos no melhoramento genéticos de espécies perenes. Neste raciocínio, a metodologia de modelos mistos REML/BLUP vem sendo uma ótima alternativa para a estimação de parâmetros genéticos, 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 (Resende, 2002; Alves e Resende, 2008). A partir disso, a utilização da metodologia REML/BLUP vem se tornando cada vez mais rotineira no melhoramento de plantas perenes como a seringueira (Kalil et al., 2000), o eucalipto (Rocha et al., 2006), o café (Petek et al., 2008; Carias et al., 2016), o cupuaçu (Alves e Resende 2008), o mamão (Oliveira et al., 2012; Vivas et al., 2014), o açaí (Teixeira et al., 2012), a cana-de-açúcar (Gonçalves et al., 2014), e maracujá (Santos et al., 2015; Freitas et al., 2015), e a goiaba (Gomes et al., 2017).

Dessa forma, a seleção entre e dentro e o índice de seleção surgem como opções. A seleção entre e dentro de famílias é uma opção viável, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias (Cruz et al., 2014). Enquanto os índices de seleção possibilitam agregar múltiplas informações visando à seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico simultaneamente (Cruz et al., 2012). Deste modo, utilizar estratégias de seleção que contemplem ganhos favoráveis em um conjunto de características é importante para a seleção de genótipos superiores, principalmente quando se trata de características com herança quantitativa. Sendo assim, os índices de seleção vêm sendo aplicados no melhoramento de fruteiras e tem apresentado bons resultados nos ganhos genéticos (Pedrozo et al., 2009; Krause et al., 2012; Dalbosco et al., 2018).

Diante do exposto, o presente estudo tem por objetivo realizar a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em 18 famílias S_1 de *Psidium guajava* por meio da metodologia de modelos mistos, e seleção simultânea de características por meio da comparação dos índices de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba.

3.2.2 REVISÃO

/

3.2.2.1. Melhoramento genético da goiabeira

No Brasil, embora os trabalhos relacionados à seleção de plantas de goiabeira tenham sido realizados em institutos de pesquisa (Instituto Agrônomo de Campinas, Esalq, Embrapa e outros), as principais variedades produtoras de frutos destinados ao consumo como fruta fresca surgiram de trabalhos desenvolvidos por produtores de origem japonesa, que, pela seleção realizada em seus pomares, obtiveram plantas cujos frutos apresentavam qualidades adequadas à comercialização. Essa seleção realizada pelos produtores propiciou o surgimento de cultivares importantes como a Kumagai, Ogawa, Pedro Sato e Sassaoka. Embora exista uma grande variabilidade genética nas populações espontâneas de goiabeiras no Brasil, a introdução de material genético melhorado da Austrália, dos Estados Unidos da América e da Índia trouxe uma grande contribuição para o melhoramento genético da espécie. Essa introdução de novas cultivares iniciou-se na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista, no ano de 1976. Esse programa de melhoramento da cultura culminou com a obtenção das cultivares Rica e Paluma (Pereira e Nachtigal 2002; Gomes Filho, 2009).

Segundo Pereira e Nachtigal (2002) para a goiabeira, os métodos de melhoramento aplicados à cultura são basicamente seleção e hibridização. Para se alcançar o sucesso em um programa de melhoramento de plantas há necessidade de se dispor de informações básicas relativas à herança dos principais caracteres agrônômicos que se pretende melhorar, bem como a divergência genética disponível para o melhoramento (Pereira et al., 2003). Um dos objetivos do melhoramento é a obtenção de produtos industrializados de alta qualidade e de frutos com características desejáveis para a comercialização, o que requer o desenvolvimento de clones superiores, com características favoráveis, tanto das plantas quanto de seus frutos (Pereira e Martinez Jr., 1986).

No Brasil, o melhoramento genético da goiabeira teve início com os trabalhos de doutoramento desenvolvidos por Soubihe Sobrinho (1951) na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, da Universidade de São Paulo, e a partir daí diversos trabalhos foram desenvolvidos com essa cultura. Para este autor o

melhoramento genético da goiabeira pode ser realizado usando-se três processos: a) por homogeneização dos tipos, por autofecundação (processo sexual) ou por enxertia (processo assexual); b) pela recombinação de novos tipos por cruzamentos e fixação, no caso de genes recessivos, e por seleção em F₂ ou após retrocruzamento, no caso de genes dominantes; e c) poliploidia.

Muitas instituições de pesquisas realizam vários trabalhos para lançar cultivares promissoras ao mercado consumidor. O programa de melhoramento genético da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária/ Universidade Estadual Paulista (UNESP) desenvolveram cultivares como Paluma, Século XXI e Rica, apresentando possibilidades de cultivo comercial como goiabeira de dupla finalidade (Pereira et al., 2003). A cultivar Cortibel foi resultado de trabalhos em parceria da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) com a empresa Frucafé, originadas pela seleção em pomar de polinização aberta de origem seminal de genótipos produtivos (Cosser et al., 2014). A variedade Pedro Sato foi selecionada a partir de pés francos, no Rio de Janeiro, sendo esta uma cultivar destinada a consumo *in natura* difundida no estado de São Paulo. Dessa forma, em relação à planta, o melhoramento deve identificar genótipos mais produtivos, adaptados a diferentes condições ambientais e resistência a pragas, doenças e problemas fisiológico.

Em estudo de competição e seleção de goiabeira utilizando as características de produção por planta em kg, produtividade, número e peso médio dos frutos e ciclo de produção, Paiva et al. (1993), destacaram que a análise dos dados das duas primeiras safras permitiu selecionar a RBS 2 como a mais produtiva e os genótipos RBS 2, RBS 1 e RBS 3 e a cultivar Rubi x Supreme como as de maior peso médio dos frutos. As cultivares apresentaram apenas um ciclo de produção por ano, concentrado, no primeiro ano, nos meses de março, abril e maio. Encontraram assim, variações na produção, produtividade e no peso médio do fruto, o que demonstra uma variabilidade a ser explorada para a região do Município de Eldorado do Sul, Rio Grande do Sul.

Com a finalidade de desenvolvimento de novas cultivares de goiabeira, com características que permitam sua utilização tanto para a industrialização quanto para os mercados de frutas frescas, Pereira et al. (2003) observaram que a cultivar Século XXI, possui boas características de sua planta e de seus frutos, e apresenta possibilidades de cultivo comercial como goiabeira de dupla finalidade.

No trabalho realizado por Hojo et. al (2007) com o objetivo de verificar a qualidade dos frutos e a resposta produtiva da goiabeira, em plantas podadas em diferentes épocas do ano, observaram que as épocas de poda afetam, de maneira expressiva, a produção e a qualidade dos frutos produzidos pela goiabeira 'Pedro Sato'. O número de frutos produzidos é inversamente proporcional ao peso dos frutos. A poda escalonada possibilita a produção de fruto de boa qualidade comercial, em nove meses do ano, nas condições de realização desse experimento.

Campos et al. (2013) avaliando 138 genótipos de goiabeira com a finalidade de quantificar a divergência genética entre os acessos com base em descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos, por meio do procedimento Ward-MLM, observaram que há variabilidade genética entre os acessos de goiaba estudados. Considerando as variáveis analisadas, o procedimento estatístico Ward-MLM é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar os acessos, utilizando simultaneamente variáveis quantitativas e qualitativas.

Em estudo realizado no município de Santa Teresa - ES com a finalidade de obter informações de parâmetros genéticos e ganhos genéticos de 16 populações de goiabeira, sendo por meio da metodologia dos modelos mistos, os autores Santos et al. (2015) verificaram que as estimativas de variância genética observada na populações estudada para °Brix e pH foram, respectivamente, 0,61 e 0,052 podendo indicar que as populações estudadas apresentam uma semelhança genética. As herdabilidades médias para o °Brix e pH, indicam que as características têm potencial para o programa de melhoramento, pois apresentam alta herdabilidade. Em relação aos ganhos genéticos ocorreu uma alteração no ordenamento dos genótipos entre as variáveis, porém houve três populações que se mantiveram entre os seis maiores ganhos genéticos, todas três originadas do pomar de polinização aberta.

3.2.2.2. Melhoramento genético da goiabeira da UENF

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro considerando o elevado potencial do fruto da goiabeira e a baixa disponibilidade de cultivares desenvolvidas por programas de melhoramento genético que atendam às necessidades dos produtores desenvolve há cerca de doze anos o programa de

melhoramento que visa o desenvolvimento de novas cultivares de goiaba (PMGG-UENF) (Figura 1).

O PMGG-UENF teve início em 2008, com um trabalho de pré-melhoramento realizado por Pessanha (2011), a qual desenvolveu estudos ligados à diversidade do gênero, citogenética interespecíficas e diversidade genética de híbridos desenvolvidos. Foram coletados 20 acessos de *Psidium* sp. nos municípios de São João da Barra e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, para a avaliação da diversidade genética. via marcadores RAPD, com o objetivo de estudar a divergência genética desses acessos para o direcionamento de cruzamentos. Os resultados obtidos demonstraram que os marcadores moleculares RAPD são eficazes, pois revelaram a diversidade genética e que o método de agrupamento hierárquico UPGMA foi o que melhor explicou a divergência entre os acessos. Sabendo-se da necessidade de conhecer a citogenética da espécie trabalhada, a autora realizou um estudo do comportamento meiótico da espécie *P. guajava*, estimando o índice meiótico e a viabilidade polínica dos acessos de goiabeira. Concluiu-se que algumas anormalidades, como cromossomos retardatários, foram observadas, porém isto não comprometeu a fertilidade dos acessos analisados. Após a análise citogenética foram realizados cruzamentos intraespecíficos dos acessos de *P. guajava* L. Estas hibridações foram realizadas entre os sete genitores superiores e contrastantes encontrados por Pessanha et al. (2011). Foi efetuada a autofecundação de um genótipo. Aos 18 meses de idade foi efetuada a análise de divergência genética dos genitores e híbridos, via marcadores SSR. Segundo os autores os marcadores SSR foram eficazes em revelar diversidade genética entre genitores e híbridos, bem como verificar a eficiência de cruzamentos para a obtenção de novos híbridos.

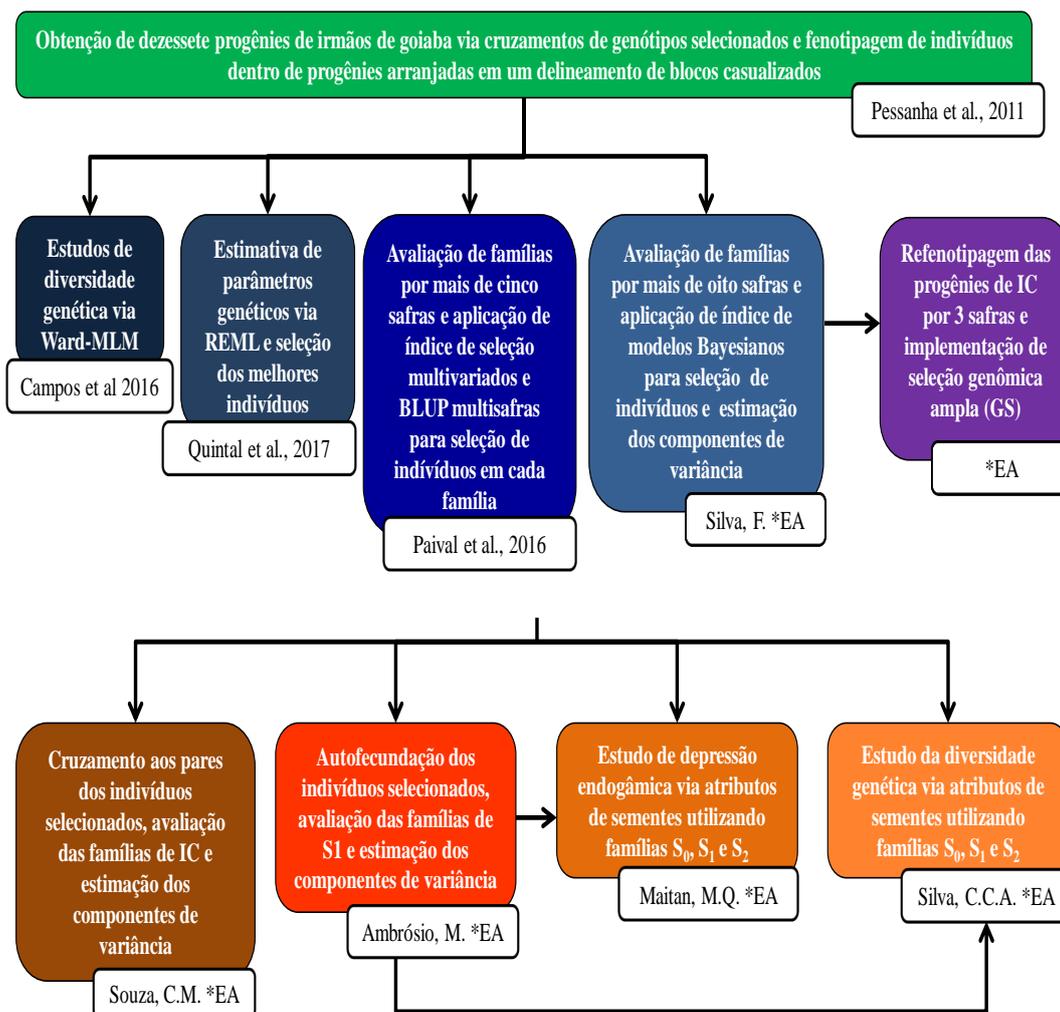
Campos et al. (2016) quantificaram a divergência genética entre 138 acessos de goiabeiras do banco de germoplasma da UENF, com base em descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos através do procedimento Ward-ModifiedLocationModel (Ward-MLM). Foi detectada ampla variabilidade pelos descritores nos 138 acessos avaliados. Foram formados oito grupos, com um valor de incremento de 67,51. O grupo III foi o mais distante e os grupos I, II, IV, V e VI os mais próximos. Sobre o procedimento Ward-MLM, considera-se que esta é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar acessos por variáveis qualitativas e quantitativas.

Dando continuidade aos estudos, Quintal et al. (2017a) avaliaram a população segregante de ampla variabilidade desenvolvida por Pessanha et al. (2011). O intuito foi selecionar progênies segregantes de goiabeiras, via modelos mistos baseado em estimadores REML/BLUP. Foram avaliadas características qualitativas e quantitativas em três épocas. Concluiu-se que as progênies que se destacaram na 1ª época foram 8, 13, 5, 16, 3, 14, 12, 10 e 13, na 2ª época 4, 5, 10 e 13 e na 3ª ocorreu o início da estabilidade de produção. Em um segundo trabalho foi avaliado índices de seleção utilizando novamente REML/BLUP, já que o mesmo demonstrou eficiência na identificação de indivíduos com elevado valor genotípico. Os resultados apresentaram potenciais nos índices de seleção de Mulamba & Mock e que a 1ª época foi a que proporcionou os maiores ganhos para os índices avaliados, com maiores valores de acurácia, sinalizando que a seleção na primeira produção pode ser uma boa alternativa para a goiabeira. Além disso, Quintal et al. (2017b) analisaram estruturas de covariância com medidas repetidas nas 17 famílias de goiabeiras. Concluiu-se que para as variáveis, peso de fruto, número de frutos e produção, os valores de coeficientes de repetibilidade foram considerados baixos, indicando necessidade de mais de uma observação por indivíduo e que os indivíduos demonstraram irregularidade da superioridade de uma medição para outra.

Paiva et al. (2016) compararam diferentes métodos de seleção entre e dentro de progênies, utilizando a seleção direta e indireta e índice de seleção. Nos resultados verificou-se variabilidade existente entre as progênies de goiabeira, na qual possibilita o uso de estratégias de seleção com ganhos satisfatórios a fim de concentrar alelos favoráveis para características de interesse agrônomo. A seleção direta e indireta não foi eficiente para realizar a distribuição de ganhos esperados, adequada aos objetivos do presente trabalho. O índice de seleção clássico (Smith e Hazel) foi o critério de seleção que demonstrou os melhores resultados em termos de ganhos no número e peso do fruto, sendo indicado como estratégia de seleção mais adequada para o melhoramento genético na população estudada. Paiva et al. (2019) também realizaram estudo de repetibilidade, estabilidade e adaptabilidade nas 17 progênies segregantes de goiabeira. O coeficiente de repetibilidade para produção total foi alto por se tratar de espécie perene. Foram preditas pelo menos cinco mensurações no mesmo indivíduo para que haja precisão na seleção. Quando analisadas as progênies, ganhos genéticos

expressivos foram obtidos, sendo que a progênie que mais se destacou apresentou ganho de 20% na variável produção total. Contudo, ao selecionar os 30 melhores indivíduos foi possível verificar que o incremento no ganho predito foi superior ao obtido na análise em nível de progênie. Esses genótipos podem ser utilizados tanto como genitores em novos cruzamentos como para propagação clonal em plantios comerciais.

Em continuação ao programa de melhoramento genético da goiabeira, no presente trabalho foi realizado o estudo de diversidade genética e estimação dos parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em 18 famílias S_1 de *Psidium guajava* por meio da metodologia de modelos mistos, e seleção simultânea de características pelos índices de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba. Além disso, realizou-se o estudo de repetibilidade, adaptabilidade e estabilidade a fim de inferir o número ideal de avaliações para seleção dos genótipos com maior confiabilidade. As famílias S_1 foram oriundas de progênies segregantes (S_0) de ampla variabilidade genética que foi avaliada e selecionada via REML/BLUP por Quintal et al. (2017a). As progênies S_0 mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas para dar origem às 18 famílias S_1 que compõem este experimento. Através das autofecundações foram obtidas 540 plantas que compõem as 18 famílias S_1 e estas foram plantadas no ano de 2014, as quais foram conduzidas com tratamentos culturais recomendados para a cultura, como adubações e podas e posteriormente foram avaliadas. 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.



*EA – Em Andamento

Figura 1. Fluxograma do histórico do programa de melhoramento genético da goiabeira na UENF.

3.2.2.3. Modelos mistos no melhoramento genético de plantas

Espécies vegetais perenes como a goiabeira apresentam aspectos biológicos peculiares: ciclo reprodutivo longo; acentuada oscilação anual de produção, sobreposição de gerações; expressão dos caracteres ao longo de vários anos e diferenças em precocidade e longevidade produtiva. Em termos de melhoramento genético, tais aspectos levam às seguintes consequências: (a) utilização do material genético selecionado para produção comercial por vários anos, o que demanda rigor e precisão nos métodos de seleção; (b) uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo; (c) redução na taxa de

sobrevivência dos experimentos durante sua vida útil, fato que tende a gerar dados desbalanceados para uso na estimação de parâmetros genéticos e na predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos (Viana e Resende, 2014).

Tendo em vista as consequências relatadas acima pode-se afirmar que uma ação de fundamental relevância no processo do melhoramento da goiabeira é a predição dos valores genotípicos dos candidatos à seleção. O procedimento de predição de valores genéticos depende do conhecimento do controle genético dos caracteres sob seleção, especialmente dos parâmetros herdabilidade e repetibilidade individuais. Assim, os métodos tradicionais de estimação com base em análise da variância não são os mais recomendados para a análise de dados no melhoramento da goiabeira, ou em plantas perenes de forma geral. Atualmente, o procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e também para a prática da seleção em plantas perenes é o REML/BLUP (Resende, 2007).

A metodologia dos modelos mistos, desenvolvida por Henderson (1973), contém efeitos de natureza fixa e aleatória. Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com diferentes números de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Resende et al., 2000). No modelo misto, os blocos, os ambientes podem ser considerados efeitos fixos, mas que interferem nos efeitos aleatórios ou genéticos. A metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) permite gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros, pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), e predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão (Viana e Resende, 2014).

É importante relatar as principais vantagens do uso do método de modelos mistos (REML/BLUP) na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas mais precisas; (d) corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção; (e) permite comparar indivíduos através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); (f) lida com

estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos)(Viana e Resende, 2014).

Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento de espécies perenes e semi-perenes tem crescido expressivamente. Podendo também ser aplicado às espécies anuais, como espécies florestais, tais como pupunheira (Farias Neto et al., 2008), e espécies frutíferas, maracujazeiro-azedo (Ferreira et al., 2016; Assunção et al., 2015), mamoeiro (Vivas et al, 2014; Ramos et al., 2014).

Vivas et al. (2014) estimaram os componentes de variância e o valor genético de progênies de mamoeiro para incidência e severidade de mancha-de-phoma via modelos mistos. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva deste trabalho permitiram prever situação muito favorável à seleção de progênies resistentes, onde os indivíduos selecionados tiveram valores negativos de efeitos genéticos aditivos tanto para severidade quanto para incidência da doença nas folhas.

O trabalho realizado por Assunção et al. (2015) teve como objetivo realizar a estimativa de ganho de seleção de plantas individuais de maracujazeiro-azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. Verificaram nos resultados as altas herdabilidades individuais no sentido restrito para as características MF e CF, comprovadas pelos valores das acurácias, indicando excelente possibilidade para seleção individual de plantas utilizando a metodologia REML/BLUP. Os ganhos de seleção visando o consumo *in natura* foram altos para as características MF, SST/ATT, EC e DF, indicando sucesso na seleção para caracteres físicos e químicos dos frutos, enquanto para o consumo industrial os ganhos preditos foram altos para as características EC, CF e MF.

Os autores Ferreira et al. (2016) realizaram um estudo com o objetivo de estimar para o maracujazeiro-azedo parâmetros e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de progênie. A análise do experimento via metodologia REML/BLUP e o modelo apresentado mostraram-se adequados para a avaliação do maracujazeiro-azedo. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies superiores para a consecução do programa de melhoramento.

Gomes et al. (2019) estimaram os componentes da variância para seis populações de cruzamentos interespecíficos com *Psidium* spp. visando maior

eficiência na seleção de híbridos interespecíficos resistente ao nematóide *Meloidogyne enterolobii*. A análise via metodologia REML/BLUP foi uma estratégia eficiente que se mostrou adequada para a seleção interespecífica de *Psidium* spp. híbridos com resistência genética a *M. enterolobii*. Foram selecionados híbridos inespecíficos resistentes a *M. enterolobii* que podem ser utilizados como porta-enxerto ou em cruzamentos para o desenvolvimento do programa de melhoramento da goiaba.

Visando à obtenção de novas variedades de goiaba com atributos superiores, Quintal et al. (2017) conduziram e analisaram pelo procedimento REML/BLUP, em nível de indivíduos, 17 famílias segregantes de goiabeira. As estimativas para parâmetros genéticos revelaram excelente potencial de seleção da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da população a curto e longo prazo. Famílias originárias dos cruzamentos entre a UENF 1835 x UENF 1834, UENF 1831 x UENF 1832 e UENF 1831 x UENF 3739 destacou-se por ocupar as primeiras posições no ranking para a maioria das características. A seleção individual de plantas pode ser a estratégia recomendada para o melhoramento da população em questão.

3.2.2.4. Índice de seleção via modelos mistos

Nos programas de melhoramento genético têm sido comumente adotado o método da seleção entre e dentro de famílias baseado em algum caráter de importância econômica. Entretanto, um caráter somente não é um critério adequado para representar o mérito econômico de uma planta, uma vez que a seleção baseada no mesmo pode conduzir ao desenvolvimento de tipos economicamente insatisfatórios, seja pela não consideração de outros caracteres de importância econômica ou pelas respostas correlacionadas negativas ocasionadas em outros caracteres. Em outros casos, o melhorista seleciona levando em conta todos os caracteres de importância econômica, mas o faz de maneira subjetiva, ou seja, sem um bom suporte científico (Resende et al., 1990).

Assim, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento. Para tal, a teoria de índice de seleção permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a seleção com base

em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico. Desse modo, o índice de seleção constitui-se em um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear de vários caracteres que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea (Cruz et al., 2004).

Neste contexto, os índices de seleção têm sido propostos em programas de melhoramento vegetal como critério de selecionar caracteres quantitativos simultaneamente, tendo sido descritos primeiramente por Smith (1936) e posteriormente por Hazel (1943). Os índices de seleção são uma técnica multivariada que permite gerar um agregado genotípico sobre o qual se exerce a seleção e que funciona como caráter adicional, resultante da combinação de vários caracteres de interesse agrônômico, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea (Freitas et al., 2014). A aplicação dos índices de seleção, independentemente da existência ou não de correlações entre características, permite efetuar, com eficiência, a seleção de genótipos superiores para um conjunto de caracteres (Amaral Júnior et al., 2010; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Freitas et al., 2013). 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).

O índice de seleção linear via modelos mistos 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 para prever os ganhos genéticos pode ser obtido por três diferentes abordagens, sendo: aditivo, multiplicativo e 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 o 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). Alguns trabalhos utilizando os índices de seleção via modelos vistos vêm sendo realizados ao longo dos últimos anos como exposto abaixo.

Os autores Resende et al. (2014) estimaram a divergência genética entre acessos de algodoeiro e ordenaram os melhores, com base em um índice de seleção combinando todas essas características de interesse. Nos resultados, observou-se que a análise de agrupamento de Tocher permitiu uma estruturação populacional dos acessos, resumindo os 248 acessos em 14 grupos divergentes. As acurácias seletivas foram altas para todas as características avaliadas, com situação favorável para a seleção. Não foi possível o melhoramento de uma característica via seleção indireta em outra. A seleção simultânea para as características de fibra, com base no índice de seleção de rank médio de Mulamba e Mock, mostrou-se promissora, identificando três genótipos superiores à média geral, para, pelo menos, cinco características.

Ramos et al. (2014) realizaram a seleção dentro de progênies de retrocruzamentos de mamoeiro, utilizando os valores reais das características morfoagronômicas, os índices de seleção clássicos e com base nos valores genéticos obtidos pela metodologia REML/BLUP. Dentre os índices analisados, a melhor estratégia para aplicar a seleção combinada em mamoeiro foi utilizando valores genéticos previstos obtidos por BLUP, que teve maior consistência no ranqueamento dos materiais genéticos.

O estudo realizado por Carias et al. (2016) teve como objetivo avaliar os ganhos genéticos preditos por meio de diferentes índices de seleção pela metodologia REML/BLUP, em cinco caracteres de interesse ao programa de melhoramento do café conilon do Incaper. Nos resultados verificou-se que as estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam a existência de variabilidade genética e potencial seletivo entre os genótipos de café conilon estudados. O índice Mulamba e Mock é mais eficiente na seleção de famílias de meios-irmãos de café conilon, podendo aumentar a chance de sucesso em programas de melhoramento desta cultura. A seleção recorrente deve ser conduzida, concomitantemente, com o programa de seleção clonal, a fim de evitar redução significativa da variabilidade genética.

Os autores Silva et al. (2017) compararam quatro índices de seleção e a metodologia REML/BLUP em uma avaliação dos ganhos genéticos previstos nas características de interesse de 81 progênies de irmãos completos de maracujazeiro derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente. Entre os quatro índices de seleção testados, Mulamba e Mock e Williams são os mais adequados para a

seleção de progênies de irmãos completos na população de maracujá azedo em estudo. O método REML/BLUP oferece os melhores ganhos genéticos previstos em comparação com os obtidos pelos índices de seleção e é eficiente na seleção de progênies de maracujá azedo.

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Local, população avaliada e delineamento

O experimento foi conduzido na estação experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara-RJ (Região Noroeste), (21°40' latitude sul, 42°04' longitude oeste e altitude de 76 m). O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo (Embrapa, 2006). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 18 famílias endogâmicas, três repetições e 10 plantas por parcela.

As 18 famílias endogâmicas avaliadas neste experimento tiveram origem a partir de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011) com um trabalho de pré-melhoramento realizado, onde foram coletados 20 acessos de *Psidium* sp. nos municípios de São João da Barra e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, para a avaliação da diversidade genética via marcadores RAPD, com o objetivo de estudar a divergência genética desses acessos para o direcionamento de cruzamentos. Após a análise molecular, foram realizados cruzamentos intraespecíficos dos acessos de *Psidium guajava*. Estas hibridações foram realizadas entre os sete genitores superiores e contrastantes encontrados via análise molecular RAPD, e deram origem a 17 famílias segregantes.

Essa população segregante de ampla variabilidade genética foi avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017), onde as progênies mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas para dar origem às 18 famílias endogâmicas que compõem este experimento. As sementes obtidas dos frutos de autofecundações foram semeadas em tubetes (três sementes por tubetes) e mantidas em casa de vegetação. Em julho de 2014 foi realizado o plantio das mudas, em um espaçamento de 4 m entre linhas e 1,5 m entre plantas.

A calagem e adubações de plantio e de cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações de Costa e Costa (2003). Foi utilizada a irrigação do tipo localizada por gotejamento. A partir deste experimento foram avaliados 540 (plantas individuais) de goiabeira por meio dos descritores definidos para a espécie *P. guajava* L., conforme UPOV (1987) (International Union for the Protection of New Varieties of Plants) e descritos em Campos et al. (2013).

3.2.3.2. Características avaliadas

As características avaliadas foram:

a) Peso total de frutos por planta (PTF) – foi realizada pela pesagem de todos os frutos de cada indivíduo do início até o final da colheita;

b) Número total de frutos por plantas (NTF) – contagem realizada em cada indivíduo no início da colheita até o final;

c) Massa de fruto (MF) – realizado com a amostragem de cinco frutos colhidos em cada genótipo, utilizando-se uma balança semianalítica e expressa em g;

d) Diâmetro transversal do fruto (DF) - para os cinco frutos da amostragem, determinado na região equatorial dos frutos com o uso de um paquímetro e expresso em mm;

e) Comprimento do fruto (CF) - para os cinco frutos colhidos em cada genótipo, onde foi realizada a medida a região longitudinal dos frutos com o auxílio de um paquímetro e expresso em mm;

f) Espessura de casca (EC) - medição na região que compreende da casca do fruto até o início da polpa, com o uso de um paquímetro e expresso em mm;

g) Relação comprimento e largura do fruto (C/D) – obtida através da razão entre o comprimento e o diâmetro do fruto (adimensional);

h) Massa da placenta (MP) - consiste na região do endocarpo e foi determinada com o auxílio de balança semianalítica e expressa em g;

i) Rendimento da polpa (RP) - calculado por meio da seguinte fórmula: $1 - \frac{(PF-PP)}{PF} * 100$;

j) Espessura do mesocarpo (EM) – realizada por duas medidas nos dois lados na região mediana do fruto realizada com o auxílio de um paquímetro, sendo os resultados expressos em mm;

k) Espessura do endocarpo (EE) - consiste na região onde se concentram as sementes, foi medida a região da placenta com o auxílio de um paquímetro digital e expresso em mm;

l) Massa da polpa (MP) - consiste na região do mesocarpo e foi obtida pela subtração da massa total e a massa da placenta;

m) Teor de sólidos solúveis (TSS) - leitura por meio do suco extraído de uma amostra do tecido da polpa do fruto pela extração por prensa de mão, e as leituras foram efetuadas em um refratômetro portátil ATAGO N1, sendo na faixa de 0 a 32 °Brix;

n) pH (pH) – foi obtido utilizando-se um phmetro da marca Orion modelo 410, expresso em valores de pH.

3.2.3.3. Modelo misto na seleção de plantas e estimação dos parâmetros genéticos

A análise das observações foi realizada conforme descritas por Viana e Resende (2014), onde os modelos biométricos são adequados às espécies de sistema reprodutivo misto e alógamas sob autofecundação, visto que a espécie em estudo apresenta sistema de reprodução considerado misto. Segundo os autores, além deste modelo genético se basear nos modelos aditivo e de dominância, ignorando, portanto, a epistasia, também se torna adequado quando uma população com $p=q=0,5$ é autofecundada e a seleção é realizada na população segregante.

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), 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:

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

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, 2002), 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).

Para este estudo foi adotado o Modelo 107, proposto por Viana e Resende (2014). O modelo $y = Xr + Za + Wp + e$, em que:

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

Os seguintes componentes de variâncias e parâmetros foram estimados:

σ_g^2 : variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação. $\sigma_{p\text{arc}}^2$: Variância ambiental entre parcelas. σ_e^2 : Variância residual. σ_f^2 : Variância fenotípica individual. h_a^2 : Herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$) no sentido restrito. C^2_{par} = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela. h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa. $Acprog$: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa. Média geral do experimento.

✓ Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco; $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$

✓ Variância fenotípica; $\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$

✓ Variância genética aditiva; $\sigma_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})]/q$
, em que:

tr: operador traço matricial;

C^{22} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix}$$

C: matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos.

✓Acurácia da predição dos valores genéticos;

$$r_{aa}^2 = [1 - PEV/\sigma_a^2]^{1/2}$$

Para verificar se há incremento no ganho genético utilizou-se de duas diferentes estratégias de seleção. O primeiro foi 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. No segundo método aplicou-se a seleção simultânea das características via índice de seleção aditivo (IA), multiplicativo (IM) e rank médio adaptado de Mulamba & Mock (RM).

3.2.3.4. Seleção simultânea de características via índice de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba & Mock

Os índices de seleção visando ganho em um agregado genotípico formado por vários caracteres foram obtidos no Selegen (Resende, 2002), por meio de três abordagens alternativas via o modelo 101: (a) índice aditivo em que são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres; (b) índice multiplicativo, em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres; (c) índice de rank médio adaptado de Mulamba & Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter e a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres são apresentados como resultado final.

A partir dos valores genotípicos preditos, foram aplicados os índices aditivos (IA), multiplicativo (IM) e rank médio adaptado de Mulamba & Mock (RM) e os mesmo construídos a partir da metodologia REML/BLUP e são sucintamente apresentados a seguir:

$$IA = (p * C1) * (VG * C1) + \dots$$

$$IM = (VG * C1) + \dots$$

$$RM = (r * VG * C1) + \dots$$

Em que: * é o sinal de multiplicação; p é o peso econômico estabelecido para o caráter; VG é o valor genotípico predito; r é o posto do genótipo; C1 é a

característica de interesse, podendo ser acrescentadas quantas forem necessárias na equação (Viana e Resende, 2014).

No índice aditivo foram realizadas as análises com pesos econômicos aleatórios de diferentes grandezas para as características principais NTF, PTF, MF, MP: Peso arbitrário (100, 100, 80, 70). Para as demais características, o peso foi estabelecido 1. Para aplicação do índice rank médio adaptado de Mulamba & Mock as tendências de acréscimo e decréscimo aplicadas para o índice aditivo foram mantidas, mas sem a atribuição de pesos econômicos.

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Avaliação genética das 18 famílias S₁ de *Psidium guajava* via modelos mistos

Os resultados demonstram a existência de diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 1% de probabilidade para as características de massa do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, espessura do mesocarpo, massa de polpa, sólidos solúveis totais (Brix) e peso de placenta (Tabela 1). Já para as características espessura do endocarpo, relação comprimento/diâmetro, número total de frutos e peso total de frutos observa-se uma significância de 5%. Dessa forma, verifica-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o que possibilita o sucesso na seleção de genótipos superiores com base nestas características, e uma boa precisão nas estimativas de componentes de variância. Para as características número de fruto, peso total de fruto, espessura do endocarpo, houve diferença significativa de 1% para efeito de parcela, indicando que há variabilidade genética significativa dentro da parcela.

Tabela 1. Estimativas de deviance para características morfoagronômicas de 18 famílias S₁ de *Psidium guajava* (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Efeito	Massa do fruto		Comprimento do fruto		Diâmetro do fruto	
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	3815,77	25,29**	2576,51	20,56**	1963,38	16,79**
Parcela	3791,45	0,97ns	2556,32	0,37ns	1949,81	3,22ns
Modelo completo	3790,48		2555,95		1946,59	
Efeito	Espessura do Endocarpo		Espessura do Mesocarpo		Espessura da Casca	
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	1809,92	5,22*	1181,23	6,78**	-178,46	1,27ns
Parcela	1817,56	12,86**	1174,52	0,07ns	-176,22	3,51ns
Modelo completo	1804,70		1174,45		-179,73	
Efeito	Massa de Polpa		Brix		pH	
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	3661,15	20,76**	872,07	10,64**	1074,85	0,01ns
Parcela	3642,32	1,93ns	862,58	1,15ns	1074,87	0,03ns
Modelo completo	3640,39		861,43		1074,84	
Efeito	Rel, Diam/Comp		Rendimento de Polpa		Peso de Placenta	
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	-1364,27	5,21*	-2158,82	3,78ns	2740,10	15,63**
Parcela	-1368,39	1,09ns	-2162,19	0,41ns	2725,48	1,01ns
Modelo completo	-1369,48		-2162,60		2724,47	
Efeito	Número total de fruto		Peso Total de fruto			
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)		
Genótipo	3953,46	5,75*	9011,69	5,22*		
Parcela	3983,56	35,85**	9045,28	38,81**		
Modelo completo	3947,71		9006,47			

*e **significativo a 5 e 1 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(χ^2): teste de razão de verossimilhança.

Nos resultados dos componentes de variância, observa-se que a variância fenotípica foi desmembrada variância genética entre famílias, variância ambiental entre parcelas e Variância residual (Tabela 1). Constatou-se que as maiores contribuição da variância genética foi para as variáveis peso total de frutos (4059786,00), número total de frutos (166,62), massa de fruto (474,78) e massa de polpa (295,13), indicando que as famílias avaliadas apresentam alta variabilidade genética em relação a esses caracteres. Deste modo, o conhecimento da variância genotípica tem muita importância para programas de melhoramento, por indicar a

amplitude de variação genética de um caráter, tendo em vista a possibilidade do seu melhoramento (Cruz et al., 2014). Dessa forma, pode-se deduzir que há possibilidade de selecionar os genótipos que apresentam os maiores valores para essas características.

Por outro lado, as menores contribuições de variância genética estão relacionados aos caracteres espessura de casca, sólido solúveis totais, pH, rendimento de polpa, relação comprimento/diâmetro e espessura do mesocarpo com valores de (0; 0,28; 0; 0; 0; e 0,30, respectivamente), predominando os efeitos ambientais, com destaque para a variância residual, evidenciando que os caracteres foram bastante influenciados pelas condições ambientais, fato comprovado pela baixa herdabilidade (Tabela 1). Neste caso, é possível afirmar que os ganhos genéticos associados à seleção destes caracteres são baixos, pois a variância encontrada para estas características é de grande parte ambiental, resultando em valores de herdabilidade de baixa magnitude. De acordo com Cruz e Carneiro (2006), essa estimativa de variância genotípica possibilita identificar a variabilidade genética de uma população e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada.

Para variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2) os maiores valores são observados para as características número total de frutos (5791305,24), peso total de frutos (216,89), massa de polpa (46,67) e massa de fruto (44,67). E a maior variância residual (σ_e^2) é verificada nos caracteres de peso total de frutos, massa de fruto, massa de polpa e número total de frutos, com valores de (20951618,89; 1186,66; 853,96 e 830,90, respectivamente). Observa-se que para todas as características, a contribuição da variação residual de todo experimento foi superior à variância ambiental entre parcelas. Portanto, vale destacar que a variação ambiental tem uma propriedade referencial sobre o nível de precisão com que o experimento foi conduzido. É sabido que no tocante aos atributos governados por vários complexos gênicos, estes são muito influenciados pelas condições ambientais, e via de regra, altas magnitudes de variância ambiental é confirmado pelos valores superiores em relação aos demais componentes de variância, com destaque a variância genotípica entre as famílias (Tabela 2), o que gera dificuldades de seleção e, com isso, demanda métodos estatísticos mais refinados e apurados para essa finalidade (Yokomizo et al., 2017). Entretanto, a variância

ambiental depende de alguns fatores, e a maioria deles podem ser manuseados pelos melhoristas. Entre eles pode-se destacar a melhor distribuição das sementes, dos fertilizantes, das adubações e controle adequado da irrigação. Esse melhor manejo certamente deverá melhorar a precisão experimental e o sucesso com a seleção.

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parcela}) foi de baixa magnitude, com exceção das características número total de frutos e peso total de frutos (17 e 18%) (Tabela 2). O C^2_{parcela} quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo que estimativas até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (Resende, 2002). De acordo com Sturion e Resende (2004), valores altos de C^2 indicam alta variabilidade entre parcelas dentro de blocos e alta correlação ambiental entre observações dentro de parcelas. Assim, os resultados altos de C^2 indicam que o experimento pode ser melhorado pelo uso de parcelas menores. Para as demais variáveis que apresentaram menores valores, revelam que pequena variação ambiental permaneceu dentro das parcelas, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente aos objetivos propostos das análises.

Os coeficientes de herdabilidade com base na média das famílias (h^2_{mp}) variaram de 0,02 a 0,89, sendo que a massa de fruto (0,89), massa de polpa (0,87), comprimento do fruto (0,86), diâmetro do fruto (0,83), massa de placenta (0,82) e sólido solúveis totais (0,75) apresentaram os maiores valores para esta estimativa. Ao analisar os coeficientes de herdabilidade individual total (h^2_a), verifica-se que esses foram bem menores do que a herdabilidade com base nas médias de famílias. De acordo com Resende (2002), em geral, herdabilidades individuais de baixa magnitude são comuns para caracteres quantitativos e, via de regra conduzem a moderadas magnitudes das herdabilidades em nível de médias de progênes. Há que se ressaltar que os valores elevados da herdabilidade média de progênes, sugerem alto progresso genético em resposta à seleção usando a informação das progênes, indicando boa possibilidade de ganho ao programa de melhoramento de *Psidium guajava* já que o progresso esperado pela seleção depende diretamente da herdabilidade. Deste modo, vale destacar que a seleção com base nas médias das famílias pode ser mais eficiente do que dentro de famílias. Entretanto, a seleção entre e dentro de famílias pode se realizada a fim de

utilizar toda a variabilidade existente na população, maximizando, assim, os ganhos genéticos. A herdabilidade no estudo genético do caráter tem seu papel preditivo, expressando a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genético (Silva et al., 2013). Seu valor pode ser aumentado pela introdução de maior variação genética na população, como também na melhoria das condições experimentais, no intuito de reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total.

A qualidade da avaliação genotípica deve ser inferida preferencialmente com base na acurácia, e segundo Resende e Duarte (2007) os valores de acurácia seletiva (*Acprog*) variaram de muito alta a baixa em magnitude como observado neste estudo, na qual os valores estão entre 0,91 a 0,14. As maiores estimativas são observadas nas características massa de fruto (0,94), comprimento do fruto (0,93), massa de polpa (0,93), diâmetro do fruto (0,91) e massa de placenta (0,90), enquanto a estimativa de menor magnitude foi para a característica pH (0,14). Para as demais características como peso total de fruto, número total de fruto, sólidos solúveis totais, rendimento de polpa e relação comprimento/diâmetro os valores de acurácia estão acima de 0,70.

Segundo Resende e Duarte (2007), a acurácia acima de 90% só é possível para caracteres com alta herdabilidade, e valores de acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênes. Por ser uma medida associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético que pode ser alterado pelo homem, visando maximizar o ganho genético (Resende, 2002). No mesmo contexto, em um experimento avaliado por Quintal et al. (2017) com 17 famílias de irmãos completos de goiabeira segregante, os autores encontraram alta acurácia para caracteres como massa de fruto (0,82), rendimento de polpa (0,84), peso total dos frutos (0,75), teor de sólidos solúveis (0,86) e Vitamina C (0,89).

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos: (σ_g^2) variância genética entre famílias, (σ_{parc}^2) Variância ambiental entre parcelas. (σ_e^2) Variância residual, (σ_f^2) Variância fenotípica individual, (C^2par) coeficiente de determinação dos efeitos de parcela, (h_a^2) Herdabilidade individual total, (h_{mp}^2) herdabilidade da média de progênies, ($Acprog$) acurácia da seleção de progênies e média geral das características obtidos por meio do procedimento REML para quatorze características avaliadas em 540 plantas de 18 famílias S₁ de *Psidium guajava*. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Variáveis	σ_g^2	σ_{parc}^2	σ_e^2	σ_f^2	C^2par	h_a^2	h_{mp}^2	$Acprog$	Média
Massa do fruto	474,78	44,67	1186,66	1706,11	0,026	0,32	0,89	0,94	177,07
Comprimento do fruto	21,38	1,65	83,49	106,54	0,01	0,23	0,86	0,93	75,51
Diâmetro do fruto	5,95	1,38	21,73	29,07	0,04	0,24	0,83	0,91	64,84
Relação comprimento/diâmetro	0,00	0,00	0,01	0,01	0,03	0,08	0,63	0,79	1,16
Massa da placenta	25,25	4,13	120,09	149,48	0,02	0,19	0,82	0,90	44,33
Rendimento de polpa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,06	0,58	0,76	0,74
Espessura endocarpo	1,99	2,10	15,87	19,97	0,10	0,11	0,61	0,78	37,02
Espessura mesocarpo	0,30	0,03	4,35	4,69	0,00	0,07	0,66	0,81	10,38
Massa da polpa	295,13	46,67	853,96	1195,78	0,03	0,29	0,87	0,93	132,43
Sólido Solúveis Totais (Brix)	0,28	0,07	2,13	2,49	0,02	0,13	0,75	0,86	12,66
Ph	0,00	0,01	3,64	3,66	0,00	0,00	0,02	0,14	3,55
Espessura de casca	0,00	0,01	0,22	0,24	0,05	0,03	0,38	0,62	1,76
Número total de fruto	166,62	216,89	830,90	1214,42	0,17	0,16	0,62	0,79	37,41
Peso total de fruto	4059786,00	5791305,24	20951618,89	30802710,14	0,18	0,15	0,60	0,77	5997,61

Para fins de seleção, os 30 melhores indivíduos foram selecionados para todas as características analisadas isoladamente (Tabela 3). Os ganhos genéticos 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.

No que se refere à seleção de genótipos para as características agrônômicas avaliadas, foi possível obter ganhos relevantes na seleção para alguns caracteres via estimativas dos BLUPs individuais. Ao comparar a média dos 30 indivíduos selecionados com a média geral da população, as melhores estimações médias de ganho genético foram observadas para peso total de frutos (62,46%), número total de frutos (48,46%), massa de polpa (26,11%), massa de frutos (25,99%) e massa de placenta (25,79%). Deste modo, ao selecionar com base nessas características é possível obter sucesso com a seleção, devido a essas características estarem relacionadas à produção. Portanto, vale ressaltar que as características que obtiveram maiores ganhos genéticos preditos possuem os maiores coeficientes de variação genotípica e altos valores de estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva o que pode explicar os maiores ganhos genéticos.

As demais características apresentaram ganhos de baixa magnitude, principalmente os caracteres de relação comprimento/diâmetro, rendimento de polpa, espessura do mesocarpo, espessura do endocarpo, teor sólidos solúveis (brix), pH e espessura de casca (Tabela 3). Tal ocorrência deve-se à baixa variabilidade genética encontrada dentro das famílias, podendo ser visualizada pela estimativa de herdabilidade individual. A baixa variabilidade para essas características pode ser explicada devido a primeira geração de autofecundação realizada, na qual proporciona o aumento da homozigose e decréscimo da heterozigose na descendência, possibilitando assim a obtenção de frutos mais homogêneos e consequente fixação alélica (Falconer e Mackay, 1996).

As famílias 1, 12, 4, 6 e 8 contribuíram com a maioria dos genótipos selecionados para as características avaliadas, indicando grande potencial dessas famílias em gerar genótipos produtivos. Neste sentido, no contexto do melhoramento, o melhor método de seleção será aquele que predisser ganhos satisfatórios nas características avaliadas. Os critérios de seleção, ao predizerem o ganho genético, possibilitam orientar de maneira efetiva programas de melhoramento e decidir qual esquema seletivo poderá ser adotado com sucesso

(Cruz et al., 2012), sendo possível verificar quais as melhores famílias e os melhores indivíduos dentro dessas famílias.

Analisando a amplitude das médias fenotípicas para as características avaliadas, principalmente as relacionadas à produção, nota-se que para o peso total de fruto dos 30 indivíduos selecionados, a média variou de 35,60 a 4,173 kg/planta, com ganhos genéticos de alta magnitude (52,24 a 45,88%). Em relação ao número total de frutos, observa-se valores médios de 177 a 45 frutos por plantas, e com ganhos genéticos satisfatórios (51,01 a 46,58%). Para a massa de fruto, verifica-se um ganho genético por seleção de 27,30% a 24,71%, e apresenta uma média de 321g a 153g por fruto. Ao analisar a massa de polpa observa-se ganhos de 27,22% a 24,80%, e com uma média de 222g a 90g.

Neste contexto, diversas cultivares disponíveis tem sido utilizada pelos produtores rurais, entre elas destacam-se as cultivares 'Paluma', 'Rica', 'Sassaoka', 'Pedro Sato', 'Cortibel' e 'Século XXI' (Pommer et al., 2006; Santos et al., 2011). Deste modo, utilizou-se artigos publicados sobre a produção da goiabeira 'Paluma' e 'Pedro Sato' para comparar com o potencial produtivo das famílias selecionadas neste estudo. Nesta premissa, os autores Gonzaga Neto et al. (2001) afirmam que a primeira safra da goiabeira 'Paluma', a partir de aproximadamente 12 a 14 meses após o plantio no campo, pode atingir até 15 kg de fruto por planta. Os frutos são grandes (acima de 200g) e com alto teor de sólidos solúveis (± 10 °Brix) o que confere excelente sabor aos frutos e produz em média 188 frutos por planta (Cardoso et al., 2011). Já a cultivar 'Pedro Sato', possui plantas vigorosas com produções relativamente altas, frutos levemente ovais, o peso médio do fruto pode oscilar, sem a realização de raleio, de 155 a 282 gramas, e com teor de sólido solúveis que pode variar de 6,3° a 9,7° (Manica et al., 2000; Azzolini et al., 2004).

Sendo assim, vale destacar que médias fenotípicas das características agronômicas avaliadas das famílias S₁ estão iguais ou superiores as cultivares comerciais 'Paluma' e 'Pedro Sato', demonstrando assim, o potencial destas famílias para obtenção de uma nova cultivar via linhagens após sucessivas gerações de autofecundações, caso não venha ocorrer depressão por endogamia, ou para serem utilizadas como genitores em futuras hibridações, a fim de se obter genótipos superiores.

Em relação ao formato do fruto, é possível observar que os frutos avaliados estão dentro dos padrões exigidos, sendo a média da relação

comprimento/diâmetro do fruto entre os genótipos selecionados variou de 1,21 a 1,20 e apresentou baixos ganhos de seleção (4,68 a 3,90%). A predição do formato do fruto é realizada pela relação entre o comprimento e o diâmetro do fruto, sendo esta relação um estimador da qualidade industrial, isto é, quanto mais próximo de 1, mais redondo é o fruto (Campos et al., 2013). O rendimento de polpa apresenta uma média de 0,87 a 0,71 e com ganhos genéticos de 3,17 a 2,83%. Esse valor é superior aos obtidos pelos autores (Rebouças et al., 2008; Natale et al., 2009). Segundo Lima et al. (1999), a seleção de frutos deve ser realizada com valores acima de 70%, o que vem corroborar o potencial da população estudada neste experimento, que, de modo geral, apresentou média acima deste índice.

O fato da característica sólidos solúveis totais (Brix) não obter ganhos genéticos em grande magnitude (5,90 a 4,81%), os genótipos não representam um problema nesta população uma vez que os dados observados para a variável se encontram dentro da faixa de valores que atende tanto o mercado de frutas frescas quanto a indústria de sucos e doces (14,99 a 12,93). Os resultados encontrados desta variável foram superiores ao apresentado pelos autores Cavalini et al. (2015) e Kadam et al. (2012), que encontraram entre 7,55° - 8,33°Brix para goiaba da variedade 'Paluma'. Sendo assim, de acordo com os resultados observados, é válido ressaltar que a média fenotípica dos genótipos selecionados para as características de qualidade e produção tenderam a ser iguais ou superiores aos materiais já lançados no mercado, confirmando que a estratégia de seleção via modelos mistos, e com a utilização de famílias endogâmicas é eficiente em gerar ganhos de seleção.

Tabela 3. Novas médias previstas e ganho genético estimados via REML/BLUP de 540 indivíduos provenientes de 18 famílias *S1de Psidium guajava* para quatorze características morfoagronômicas (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Ord	Massa do fruto (g)			Comprimento (mm)			Diâmetro (mm)			Relação C/D			Massa da Placenta (g)			Rend. Polpa (%)		
	Ind*	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
1	1/1/7	225,42	27,30	2/1/9	85,39	13,08	2/16/6	69,92	7,83	3/10/10	1,21	4,68	3/6/6	57,34	29,34	3/7/6	0,76	3,17
2	3/1/7	225,27	27,21	3/1/6	85,14	12,75	2/16/5	69,83	7,70	2/1/9	1,21	4,47	3/6/2	56,87	28,28	3/7/8	0,76	3,14
3	1/1/8	224,80	26,95	2/1/3	84,98	12,54	3/1/7	69,79	7,63	1/1/5	1,21	4,33	2/6/7	56,53	27,50	1/7/2	0,76	3,13
4	3/1/10	224,57	26,82	3/1/5	84,87	12,40	2/16/3	69,75	7,57	3/1/6	1,21	4,25	2/6/4	56,34	27,09	1/7/7	0,76	3,12
5	1/1/9	224,41	26,73	3/1/10	84,80	12,29	1/16/6	69,73	7,53	3/1/5	1,21	4,21	1/6/6	56,23	26,83	1/7/8	0,76	3,12
6	3/1/8	224,29	26,66	1/1/7	84,73	12,21	1/16/5	69,71	7,51	1/1/3	1,21	4,17	3/6/4	56,14	26,63	1/7/9	0,76	3,12
7	2/1/5	224,16	26,59	3/1/8	84,67	12,12	2/16/7	69,68	7,46	3/6/6	1,21	4,13	1/6/7	56,06	26,44	1/7/5	0,76	3,12
8	2/1/1	224,05	26,53	2/1/5	84,62	12,05	1/16/2	69,65	7,42	3/1/1	1,21	4,11	2/6/5	55,99	26,29	3/7/2	0,76	3,10
9	2/1/4	223,97	26,48	1/1/3	84,57	11,99	2/16/8	69,63	7,38	3/1/4	1,21	4,09	1/6/10	55,94	26,17	2/7/10	0,76	3,10
10	3/1/5	223,86	26,42	1/1/5	84,52	11,93	3/16/3	69,60	7,35	3/1/10	1,20	4,07	1/6/3	55,89	26,06	1/7/10	0,76	3,10
11	2/1/3	223,76	26,37	2/1/1	84,49	11,88	3/16/2	69,58	7,31	2/1/4	1,20	4,06	2/6/3	55,84	25,96	2/7/1	0,76	3,09
12	1/1/1	223,65	26,30	2/1/10	84,45	11,84	2/16/1	69,56	7,29	2/1/3	1,21	4,04	3/6/10	55,80	25,86	2/7/3	0,76	3,09
13	2/1/10	223,54	26,24	1/1/9	84,42	11,80	2/16/10	69,55	7,26	3/1/8	1,21	4,02	3/6/5	55,76	25,78	2/7/4	0,76	3,09
14	3/1/6	223,44	26,18	3/1/7	84,39	11,76	1/16/7	69,53	7,23	2/1/5	1,21	4,68	1/6/5	55,73	25,70	3/7/4	0,76	3,09

*Ind. = Indivíduo (Bloco/Família/Planta).

Tabela 3.- Cont.

Ord	Massa do fruto (g)			Comprimento (mm)			Diâmetro (mm)			Relação C/D			Massa da Placenta (g)			Rend. Polpa (%)		
	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
15	2/1/9	223,30	26,10	1/1/4	84,37	11,72	3/16/1	69,51	7,20	2/1/8	1,20	4,01	2/6/6	55,69	25,62	2/7/7	0,76	3,08
16	3/1/3	223,16	26,02	3/1/1	84,34	11,69	2/16/9	69,49	7,17	2/1/10	1,20	4,00	2/6/9	55,66	25,54	2/7/8	0,76	3,08
17	1/1/4	223,03	25,95	3/1/9	84,31	11,65	3/16/8	69,47	7,15	1/1/4	1,20	3,99	2/6/8	55,62	25,43	3/7/3	0,76	3,08
18	1/1/3	222,89	25,87	2/1/4	84,28	11,61	1/1/7	69,45	7,11	1/1/7	1,20	3,98	2/6/10	55,58	25,35	3/7/5	0,76	3,08
19	1/1/6	222,73	25,78	3/1/4	84,26	11,58	1/1/8	69,42	7,07	2/1/1	1,20	3,97	1/6/2	55,54	25,26	2/7/2	0,76	3,08
20	2/1/8	222,54	25,68	1/1/10	84,23	11,54	2/1/3	69,40	7,03	1/1/6	1,20	3,96	2/6/2	55,50	25,18	2/7/9	0,76	3,06
21	3/1/9	222,36	25,58	1/1/8	84,21	11,51	2/1/5	69,37	6,99	1/1/9	1,20	3,96	3/6/1	55,47	25,11	3/7/10	0,76	3,06
22	3/1/1	222,18	25,47	1/1/6	84,19	11,49	1/1/9	69,35	6,95	1/1/10	1,20	3,95	3/6/9	55,43	25,03	1/7/3	0,76	3,06
23	1/1/10	222,00	25,37	3/1/3	84,17	11,46	3/1/10	69,32	6,91	3/1/2	1,20	3,94	3/6/7	55,40	24,93	2/7/5	0,76	3,06
24	3/1/4	221,83	25,27	1/1/1	84,15	11,44	2/1/1	69,30	6,88	1/1/2	1,20	3,93	3/6/8	55,36	24,83	2/7/6	0,76	3,06
25	1/1/5	221,66	25,18	2/1/8	84,13	11,41	3/1/8	69,28	6,85	3/1/9	1,20	3,91	3/6/3	55,34	24,81	1/7/1	0,76	3,05
26	2/1/8	221,49	25,08	2/1/8	84,11	11,39	2/11/0	69,26	6,81	2/1/8	1,20	3,93	1/6/9	55,31	24,75	1/15/6	0,76	3,01
27	1/1/2	221,33	24,99	3/1/2	84,09	11,36	1/16/4	69,24	6,78	3/1/3	1,20	3,92	1/6/1	55,28	24,68	2/15/5	0,76	2,95
28	3/1/2	221,18	24,91	1/1/2	84,07	11,33	1/1/1	69,22	6,75	1/1/1	1,20	3,91	3/1/10	55,22	24,56	1/15/8	0,76	2,91
29	2/1/7	221,00	24,80	2/1/7	84,04	11,29	1/1/4	69,20	6,73	2/1/7	1,20	3,91	2/1/4	55,17	24,43	1/15/9	0,76	2,87
30	2/16/6	220,82	24,71	2/6/3	83,99	11,22	3/1/3	69,18	6,70	1/1/8	1,20	3,90	3/1/5	55,11	24,31	3/15/5	0,76	2,83

*Ind. = Individuo (Bloco/Família/Planta)

Ord = Ordem.

Tabela 3.- Cont.

Ord.	Esp. Endocarpo (mm)			Esp. Mesocarpo (mm)			Massa da Polpa (g)			T. sól. solúveis (°brix)			pH			Espessura de Casca (mm)		
	Ind*	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
1	2/16/3	39,06	5,49	2/1/1	11,25	8,33	3/1/7	168,48	27,22	1/4/10	13,40	5,90	1/8/5	3,58	0,73	1/4/2	1,89	7,60
2	1/16/2	39,02	5,37	3/1/7	11,24	8,29	1/1/7	168,45	27,19	2/4/7	13,35	5,46	3/8/1	3,57	0,67	2/4/10	1,89	7,60
3	1/16/7	39,00	5,33	3/1/6	11,24	8,23	3/1/8	168,28	27,06	1/4/5	13,33	5,29	3/8/7	3,57	0,64	1/4/9	1,89	7,59
4	1/16/6	38,99	5,30	2/1/9	11,23	8,20	2/1/5	168,13	26,95	3/4/2	13,32	5,20	2/8/2	3,57	0,63	1/4/1	1,89	7,57
5	1/6/7	38,98	5,28	3/1/10	11,23	8,17	2/1/1	168,00	26,85	3/4/1	13,31	5,15	3/8/5	3,57	0,63	3/4/3	1,89	7,56
6	3/16/8	38,98	5,27	3/1/8	11,23	8,13	1/1/9	167,90	26,78	1/4/8	13,30	5,11	3/8/6	3,57	0,62	3/4/9	1,89	7,53
7	1/16/5	38,97	5,23	1/1/4	11,22	8,10	1/1/8	167,80	26,71	1/16/2	13,30	5,08	3/8/8	3,57	0,62	2/4/2	1,89	7,52
8	1/6/6	38,96	5,24	2/9/6	11,22	8,07	3/1/6	167,71	26,64	1/16/6	13,30	5,06	3/8/9	3,57	0,61	2/4/9	1,89	7,51
9	2/16/1	38,96	5,22	2/1/10	11,22	8,05	2/1/3	167,63	26,58	2/4/5	13,29	5,04	3/8/3	3,57	0,61	3/4/2	1,89	7,48
10	3/16/1	38,95	5,21	2/1/3	11,22	8,03	3/1/10	167,54	26,51	2/16/8	13,29	5,01	2/8/5	3,57	0,61	3/4/10	1,89	7,47
11	2/16/5	38,95	5,20	1/1/2	11,21	8,01	1/1/1	167,46	26,45	2/4/6	13,29	5,00	3/8/2	3,57	0,61	1/4/3	1,89	7,46
12	3/6/4	38,95	5,19	1/1/7	11,21	7,99	2/1/10	167,38	26,39	3/4/3	13,29	4,98	2/8/6	3,57	0,61	2/4/7	1,89	7,44
13	2/16/3	38,94	5,18	3/1/9	11,21	7,98	2/1/9	167,32	26,34	2/16/1	13,29	4,96	2/8/1	3,57	0,61	3/4/6	1,89	7,43
14	1/16/2	38,94	5,18	3/1/4	11,21	7,96	2/1/4	167,25	26,29	2/16/6	13,28	4,95	2/8/10	3,57	0,61	3/4/7	1,89	7,42

*Ind. = Indivíduo (Bloco/Família/Planta)

Tabela 3.- Cont.

Ord	Esp Endocarpo (mm)			Esp. Mesocarpo (mm)			Massa da Polpa (g)			T. sól. solúveis (°brix)			pH			Espessura de Casca (mm)		
	Ind*	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
15	2/16/7	38,94	5,17	1/1/6	11,21	7,95	3/1/5	167,18	26,24	3/4/6	13,28	4,94	2/8/3	3,57	0,61	2/4/6	1,89	7,40
16	2/6/5	38,94	5,16	1/1/9	11,21	7,94	1/1/4	167,09	26,17	1/4/9	13,28	4,93	2/8/4	3,57	0,61	3/4/5	1,89	7,39
17	2/6/3	38,93	5,15	2/1/5	11,21	7,92	2/1/8	167,00	26,10	1/4/4	13,28	4,92	3/8/10	3,57	0,61	1/4/5	1,89	7,38
18	3/6/6	38,93	5,14	1/1/1	11,20	7,91	1/1/3	166,89	26,02	3/16/3	13,28	4,91	2/8/9	3,57	0,61	2/4/8	1,89	7,37
19	2/6/6	38,93	5,13	1/1/13	11,20	7,90	3/1/3	166,77	25,93	3/4/5	13,28	4,90	2/8/7	3,57	0,61	3/4/4	1,89	7,36
20	3/6/2	38,92	5,12	3/1/3	11,20	7,85	3/1/9	166,66	25,85	3/16/8	13,28	4,89	1/8/6	3,57	0,61	2/4/3	1,89	7,35
21	2/16/10	38,92	5,11	3/1/5	11,20	7,88	1/1/6	166,55	25,76	3/4/4	13,27	4,88	1/8/3	3,57	0,61	1/4/10	1,89	7,34
22	2/6/7	38,92	5,10	2/1/4	11,20	7,87	3/1/4	166,42	25,66	2/4/9	13,27	4,87	1/8/10	3,57	0,60	2/4/1	1,89	7,34
23	3/6/10	38,91	5,09	1/1/8	11,20	7,86	1/1/2	166,27	25,55	2/16/3	13,27	4,86	3/8/4	3,57	0,60	3/4/1	1,89	7,32
24	3/16/2	38,91	5,08	1/1/5	11,20	7,85	1/1/5	166,13	25,44	2/4/1	13,27	4,85	1/8/4	3,57	0,60	1/4/6	1,89	7,31
25	1/6/5	38,90	5,08	3/1/1	11,20	7,84	3/1/1	166,00	25,34	2/4/8	13,27	4,85	1/8/2	3,57	0,60	1/4/8	1,89	7,31
26	1/6/10	38,90	5,07	2/1/8	11,20	7,83	2/1/8	165,85	25,24	3/4/10	13,27	4,84	1/8/9	3,57	0,60	2/4/5	1,89	7,30
27	3/6/1	38,90	5,06	3/1/2	11,19	7,82	3/1/2	165,72	25,13	2/16/7	13,27	4,83	1/8/1	3,57	0,60	1/4/4	1,89	7,29
28	2/6/2	38,90	5,05	1/7/5	11,19	7,81	1/1/10	165,59	25,03	2/4/3	13,27	4,83	1/8/7	3,57	0,60	1/4/7	1,89	7,28
29	3/16/3	38,89	5,04	2/7/1	11,19	7,79	2/16/6	165,44	24,93	2/16/9	13,27	4,82	2/8/8	3,57	0,60	3/4/8	1,89	7,26
30	2/6/4	38,89	5,03	2/1/8	11,19	7,78	2/1/7	165,28	24,80	3/16/2	13,27	4,81	2/2/5	3,57	0,60	2/1/8	1,89	7,13

*Ind. = Individuo (Bloco/Família/Planta)

Ord = Ordem.

Tabela 3.- Cont.

Ord,	Peso total de frutos			Número total de frutos		
	Ind*.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
1	3/12/1	9130,83	52,24	2/12/4	51,01	19,08
2	2/12/4	9103,37	51,77	2/8/2	50,82	19,01
3	1/12/5	9078,15	51,35	3/12/1	50,58	18,92
4	2/12/1	9059,78	51,05	2/12/2	50,22	18,78
5	2/12/2	9042,95	50,77	3/4/8	49,19	18,67
6	1/12/6	9019,54	50,37	1/4/7	49,71	18,59
7	2/12/10	9001,43	50,07	1/12/5	49,55	18,53
8	3/12/6	8979,01	49,70	1/4/10	49,42	18,49
9	1/12/3	8960,50	49,39	1/12/6	49,28	18,43
10	3/12/3	8943,12	49,10	2/12/1	49,15	18,38
11	2/12/7	8926,04	48,82	1/12/3	48,97	18,32
12	1/12/7	8909,74	48,55	3/4/3	48,82	18,26
13	3/6/10	8895,67	48,32	2/12/10	48,67	18,20
14	1/1/22	8883,22	48,10	1/12/7	48,53	18,15

*Ind. = Individuo (Bloco/Família/Planta).

Tabela 3.- Cont.

Ord,	Peso total de frutos			Número total de frutos		
	Ind*.	Média	Ganho (%)	Ind.	Média	Ganho (%)
15	3/12/5	8872,04	47,92	3/8/4	48,38	18,10
16	1/12/10	8861,91	47,76	2/12/7	48,23	18,04
17	2/12/6	8852,60	47,59	1/4/9	48,10	17,99
18	2/12/9	8844,03	47,45	3/4/1	47,98	17,95
19	3/12/7	8835,25	47,30	3/12/6	47,86	17,90
20	3/12/9	8826,61	47,15	3/8/5	47,75	17,86
21	1/12/8	8818,73	47,04	2/12/9	47,62	17,81
22	1/12/1	8810,69	46,90	3/12/3	47,48	17,76
23	1/12/4	8803,19	46,70	2/4/9	47,36	17,71
24	3/1/6	8795,37	46,63	3/12/7	47,24	17,67
25	3/12/4	8788,01	46,52	1/12/8	47,12	17,62
26	3/12/10	8780,99	46,40	1/8/9	47,00	17,58
27	3/12/2	8774,38	46,28	1/12/4	46,89	17,54
28	1/12/9	8767,32	46,17	1/12/2	46,78	17,50
29	2/12/8	8759,59	46,03	3/12/2	46,68	17,46
30	2/12/3	8750,52	45,88	3/12/9	46,58	17,42

*Ind. = Individuo (Bloco/Família/Planta)/ Ord = Ordem.

3.2.4.2. Seleção simultânea de características via índice de seleção aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba & Mock

Os índices de seleção são geralmente utilizados com o propósito de escolher materiais superiores, com base em um complexo de variáveis que reúna atributos de interesse do melhorista, de modo a resultar em melhores ganhos simultâneos (Cruz et al., 2014). Deste modo, em termos de estimativa de ganhos genéticos pode-se observar que para todos os índices houve ganhos satisfatórios (Tabela 4). Dentre os três índices de seleção utilizados, o que possibilitou maiores ganhos por seleção foi índice multiplicativo com uma média de (73,95%), seguido do índice rank médio adaptado de Mulamba & Mock (19,11%), e do índice aditivo (2,30%).

O índice multiplicativo também apresentou maior coincidência da presença dos indivíduos das famílias selecionadas via estimativas dos BLUPs individuais para as características massa de fruto, número total de frutos, peso total de frutos, massa de polpa e massa de placenta. Dos 30 genótipos selecionados pelo BLUPs a maior parte pertence as famílias 1 (249,09%), 6 (213,97%), 4 (156,49%), 12 (126,79%) e 8 (104,19%) também selecionadas pelo índice multiplicativo com seus respectivos ganhos genéticos (Tabela 4). Pedrozo et al. (2009) que compararam a eficiência de três índices de seleção construídos a partir de componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP, em três populações (A, B e C) de primeira geração clonal de cana-de-açúcar, concluíram que o índice multiplicativo foi o que mostrou maior eficiência de seleção, uma vez que, apresentou maior coeficiente de coincidência de genótipos selecionados com a estratégia de seleção para o caráter toneladas de sólidos solúveis por hectare (TBH), maiores ganhos diretos de seleção e maiores ganhos indiretos para TBH.

O índice rank médio adaptado de Mulamba & Mock, mesmo obtendo ganhos genéticos inferiores selecionou as mesmas famílias que o índice multiplicativo, entretanto, com ranqueamento em diferente ordem. Resende et al. (2014) estimaram a divergência genética entre acessos de algodoeiro e classificaram os melhores com base no índice de seleção de rank médio adaptado de Mulamba e Mock. Esses autores afirmaram que o índice de RM foi o mais promissor para a seleção simultânea para as características de fibra do algodoeiro.

O índice aditivo foi o que possibilitou menores ganhos genéticos quando comparados com os demais índices, porém, as primeiras famílias selecionadas como superiores foram a 12 (4,34%), 1 (4,19%), 8 (4,06%), 6 (3,92%), e 4 (3,82%), na qual, se coincidem com outros índices utilizados. Deste modo, o uso do índice clássico permitiu após várias tentativas, atribuindo pesos variados, obter ganhos percentuais favoráveis. Deste modo, considerando-se a eficiência de um índice de seleção para aplicação em programa de melhoramento, é importante considerar o ganho obtido pela aplicação do índice e o potencial que o mesmo tem em selecionar indivíduos com base em características de interesse, sem se permitir inflacionar ou atribuir peso demasiado a uma das características que compõem o índice (Cruz et al., 2014). Neste contexto, dentre os índices utilizados no experimento para seleção de famílias S₁ superiores, o índice multiplicativo foi o mais eficiente, pois apresentou maior magnitude de ganhos e possibilitou selecionar as melhores famílias em qualidade e produção simultaneamente.

Tabela 4. Ranqueamento das 18 Famílias S₁ de *Pisidium guajava* com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando os índices aditivo, multiplicativo e rank médio adaptado de Mulamba & Mock, para 14 características. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

ORD.	Índice de Seleção					
	Aditivo		Multiplicativo		Rank*	
	Famílias S ₁	GS (%)	Famílias S ₁	GS (%)	Famílias S ₁	GS (%)
1	12	4,34	1	249,09	10	37,11
2	1	4,19	6	213,97	1	36,41
3	8	4,06	4	156,49	8	35,71
4	6	3,92	12	126,79	16	33,33
5	4	3,82	8	104,19	6	31,42
6	9	3,52	7	87,96	7	28,50
7	7	3,14	9	76,05	4	24,63
8	17	2,81	10	67,04	12	21,87
9	10	2,49	16	57,56	9	19,10
10	16	2,17	17	49,07	11	16,46
11	18	1,82	2	39,83	2	14,29
12	3	1,51	3	32,13	18	12,47
13	2	1,22	18	25,60	3	10,76
14	15	0,94	11	19,24	14	8,69
15	11	0,69	14	13,55	17	6,97
16	5	0,47	13	8,55	5	4,31
17	14	0,22	5	4,02	15	2,03
18	13	0,00	15	0,00	13	0,00
Média		2,30		73,95		19,11

*rank médio adaptado de Mulamba & Mock.

3.2.5. CONCLUSÕES

Os genótipos das famílias 1, 12, 4, 6 e 8 foram consideradas superiores em relação as demais, pois apresentaram os melhores genótipos quanto as características massa de frutos, massa de polpa, peso total de frutos e número total de frutos, sendo assim, terão representantes selecionados para futuras autofecundações e/ou cruzamentos.

As médias fenotípicas das características relacionadas à produção dos genótipos selecionados via BLUPs estão iguais ou superiores as cultivares comerciais, demonstrando assim, o potencial das famílias endogâmicas em gerar genótipos produtivos.

Nos índices de seleção via modelos mistos, o multiplicativo apresentou o maior ganho de seleção comparado ao índice aditivo e ao rank médio adaptado de Mulamba & Mock, sendo eficientes na identificação das famílias superiores em qualidade e produção, simultaneamente.

3.3 ESTIMATIVAS DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE EM FAMÍLIAS S₁ DE *Psidium guajava* VIA MODELOS MISTOS

3.3.1 INTRODUÇÃO

A nível mundial o Brasil se destaca como o terceiro maior produtor de goiaba, (Faostats, 2016), e possui uma área total de produção de 20,294 mil ha, que gera um rendimento médio de frutos de 22,791 kg ha⁻¹ ano⁻¹. De todos os estados, o Rio de Janeiro ocupa o sexto lugar na área plantada, com um rendimento médio de 25,320 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Ibge 2018). Várias cultivares disponíveis foram utilizadas pelos agricultores, dentre as quais destacam-se Paluma, Rica, Sassaoka, Pedro Sato, Cortibel e Século XXI (Pommer et al. 2006; Santos et al. 2011). No entanto, nenhuma dessas cultivares foram desenvolvidas, testadas e recomendadas para o Estado do Rio de Janeiro. Por esse motivo, é necessário desenvolver novas cultivares que atendam às condições do mercado consumidor e do produtor, a fim de permitir a diversificação de cultivares de goiaba no campo com diferentes alelos, especialmente para diferentes tipos de frutos, peso, tamanho, cor da polpa, rendimento da polpa sólidos solúveis totais, pH e resistência a pragas e doenças.

Nesse âmbito, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), vem desenvolvendo há doze anos o programa de melhoramento genético da goiabeira com resultados promissores para o melhoramento da cultura em

questão. Contudo, há a inequívoca necessidade de continuidade do programa já em andamento que vise à seleção de indivíduos superiores ou que sirvam de suporte para a geração de genótipos mais bem adaptados as condições de cultivo das diversas áreas produtoras do Brasil e com características demandadas pelo mercado consumidor.

Assim, em etapas anteriores do programa de melhoramento da goiaba da UENF, foram realizados cruzamentos intraespecíficos para obtenção de populações segregantes, as quais possuem alta variabilidade genética (Pessanha et al., 2011). Apesar disso, o sucesso da seleção não depende unicamente da variabilidade genética, mas também da capacidade de manutenção e fixação dos caracteres agrônômicos desejáveis nos genótipos avaliados. Dessa maneira, a consecução de famílias endogâmicas mostra-se eficaz neste sentido, onde se torna possível a fixação alélica dos caracteres agrônômicos de interesse, e a obtenção de plantas com alta produtividade, precocidade e homogeneidade dentro das famílias, proporcionado assim, sucesso de seleção com o avanço das gerações de goiabeira sob endogamia.

Durante o processo de seleção de plantas, é importante fazer estimativas mais precisas da superioridade genética dos indivíduos (Negreiros et al., 2008). Neste contexto, os modelos mistos (REML/BLUP) no melhoramento genético de plantas tem tido um grande apelo e essa nova metodologia tem sido proposta nos últimos anos (Viana e Resende, 2014; Resende et al. 2016). Sendo assim, por intermédio dos modelos mistos é possível a avaliação individual dos genótipos, a estimação dos componentes de variância (Restricted Maximum Likelihood - REML) e predição dos valores genéticos individuais (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP), maximizando assim a captação das variâncias aditivas que poderão potencializar os ganhos genéticos desejados, resultando em um processo de seleção mais acurado. Nesta conjuntura, os modelos mistos vêm sendo aplicado em muitas espécies perenes, a fim de predizer valores genéticos mais acurados e estimar a repetibilidade das variáveis, o que permite inferir o número mínimo de avaliações necessárias (Ferreira et al., 2012; Pereira et al., 2013; Harder et al., 2016, Quintal et al., 2017b, Paiva et al., 2019).

Para esse fim, medições repetidas são feitas no mesmo indivíduo, especialmente em plantas perenes. Portanto, é necessária a avaliação de múltiplas colheitas para que os genótipos mais promissores sejam selecionados. Deste

modo, a análise de observações envolvendo muitos anos de safra permite uma estimativa do coeficiente de repetibilidade, e por meio dessa estimativa, é possível prever quantas avaliações serão necessárias para a seleção com maior confiabilidade. Sendo assim, a herdabilidade estimada, a repetibilidade individual e os parâmetros de correlação genotípica durante as colheitas são essenciais para o melhorista selecionar indivíduos superiores (Marçal et al., 2016).

Neste cenário, em alguns estudos com culturas perenes, os autores observaram que para selecionar genótipos promissores com maior eficiência, é mais vantajoso aumentar o número de anos e locais avaliados do que o número de progênes (Nascimento Filho et al., 2009; Danner et al., 2010; Bruna et al., 2012; Cargnin, 2016; Rodrigues et al., 2017; Imai et al., 2016; Quintal et al. 2017).

Com base no exposto acima, o presente estudo tem por objetivos estimar o coeficiente de repetibilidade das características referentes à produção da goiabeira, a fim de inferir qual o número mínimo de avaliações é necessário para identificar genótipos superiores, além de verificar a adaptabilidade e estabilidade, bem como prever ganhos genéticos e selecionar as melhores famílias em progênes S_1 de *Psidium guajava*.

3.3.2 REVISÃO

3.3.2.1. Análise de medidas repetidas via modelos mistos

Um conjunto de observações provenientes de várias medições, tomadas de forma sequencial, na mesma unidade experimental ao longo do tempo ou espaço, recebe a denominação de dados longitudinais ou medidas repetidas, o que tendem a apresentar correlação entre si. Portanto, ao analisar estatisticamente dados desta natureza é recomendável que se leve em conta a estrutura de covariância entre as medidas repetidas. O termo medida repetida se refere a um grupo de dados com medidas múltiplas para uma variável resposta na mesma unidade experimental. Tal termo também se refere a medições múltiplas sendo feitas no tempo e no espaço.

Sabe-se que, por se tratar de uma planta perene, a seleção de genótipos superiores em goiabeira tem sido efetuada mediante a realização de várias avaliações no mesmo indivíduo. Entretanto, esse processo necessita de um longo período por envolver muitas etapas, avaliação de muitos caracteres e um grande dispêndio de custos e mão de obra (Oliveira et al., 2011). Sendo assim, uma alternativa que pode auxiliar os melhoristas dessa cultura a atenuar tais desafios é o uso da repetibilidade. Por meio da estimativa do coeficiente de repetibilidade (r), é possível determinar o número mínimo de avaliações a serem realizadas para que a seleção fenotípica seja efetuada com eficiência. Para tanto, a análise de sucessivas medições de uma característica, em grupo de indivíduos, torna-se um procedimento desejável, pois se espera que a superioridade ou inferioridade inicial de um indivíduo, em relação aos demais, mantenha-se ao longo das medições (Cruz et al., 2012).

Conforme Lush (1964), Abeywardena (1972), Kempthorne (1973) e Cruz et al. (2012), o coeficiente de repetibilidade é definido como a correlação entre as medidas realizadas em um mesmo indivíduo, com avaliações tomadas no tempo ou no espaço. De acordo com Resende (2002), considerando o padrão de duas medições, propõe-se a seguinte classificação para o coeficiente de repetibilidade: alta ($r \geq 0,60$); média ($0,30 < r < 0,60$) e baixa ($r \leq 0,30$). Assim, quando o valor da repetibilidade for alto, indica-se que é viável predizer o valor real do indivíduo, utilizando-se um número relativamente pequeno de medições quando comparado aos baixos valores de estimativas de repetibilidade (Cruz et al., 2012). Diante do exposto, é essencial a utilização de metodologias que maximizem a eficiência seletiva e minimizem os custos com recursos financeiros e humanos. Diversos autores têm obtido estimativa do coeficiente de repetibilidade em diversas espécies como descrito abaixo.

O trabalho realizado por Degenhardt et al. (2002) teve por objetivo avaliar o efeito de anos e determinar o número de anos necessários para avaliação precisa do peso do fruto, peso de casca, comprimento, diâmetro, relação comprimento/diâmetro, rendimento de polpa e sólidos solúveis totais dos frutos de goiabeira-serrana (*Accasellowiana*), em três anos de avaliação. Os efeitos ambientais afetam significativamente as características de frutos avaliados, e o efeito de anos é o de maior magnitude. Como a variância de anos no grupo de plantas avaliado por três anos foi menor do que no grupo avaliado por dois anos, é

recomendável que a avaliação seja feita por períodos mais prolongados. Os valores de repetibilidade, embora pequenos, corroboram a necessidade do estudo do efeito de anos, e demonstram a necessidade de avaliação das características estudadas em, no mínimo, quatro anos. As divergências encontradas com relação a SST e DF entre as duas análises reforçam o grande efeito da variação entre plantas no cálculo do coeficiente de repetibilidade.

Lira Júnior et al. (2010) realizaram a avaliação da produção, número de frutos e peso do fruto de seleções de pitanga roxa (*Eugenia uniflora* L.), com a finalidade de estimar por diferentes métodos seus coeficientes de repetibilidade e o número mínimo de avaliações necessárias para selecioná-las com maior confiabilidade, sob as condições edafoclimáticas da Zona da Mata Norte de Pernambuco. Nos resultados verifica-se que a cultivar tropicana (fruto vermelho) apresenta a maior produção média anual, quando comparada com as pitangas de coloração roxa. Entre as cinco seleções de pitanga roxa, a IPA-15.1 apresenta a maior produção média anual. Para peso do fruto, o melhor resultado foi obtido pela seleção IPA-41.1. Os coeficientes estimados para produção número de frutos e peso da pitanga indicam que a variância ambiental pouco influencia essas características fenotípicas de uma safra para outra. Para produção, número de frutos e peso do fruto são necessárias 2, 2 e 5 safras, respectivamente, para selecionar genótipos superiores de pitanga com 90% de confiabilidade dos resultados.

Santos et al. (2011) realizaram um estudo com o objetivo de determinar o coeficiente de repetibilidade pelos métodos da Análise de Variância, Componentes Principais (matriz de correlação e covariância) e Análise Estrutural para características de qualidade do maracujazeiro e determinar o número mínimo de avaliações para um eficiente processo de seleção de genótipos de maracujazeiro-azedo. O método dos componentes principais, com base na matriz de covariância, sempre apresentou estimativas maiores, principalmente para espessura da casca e comprimento longitudinal do fruto, sendo esse método mais eficiente para a estimação do coeficiente de repetibilidade das características avaliadas. A realização de 18 medições nos frutos de maracujazeiro-azedo será suficiente para prever o valor real dos indivíduos com 90% de acurácia no primeiro ano de

produção, com relação à massa fresca do fruto, massa de polpa e casca, comprimento longitudinal e diâmetro equatorial.

O Cargnin (2012) realizou o estudo com o objetivo de obter estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r), determinação ou grau de previsibilidade (R^2) de características de clones de variedades de uvas viníferas e determinar o número de medições necessárias, capaz de proporcionar níveis de certeza (80, 90 e 95%) da predição do valor real dos indivíduos para cada caráter. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade obtidas para as duas variedades apresentam valores de magnitude muito semelhantes. As estimativas de repetibilidade, nas oito características, são superiores a 0,60, demonstrando regularidade do desempenho dos clones nas várias colheitas e confiabilidade na discriminação genotípica superior a 80%. O emprego de três colheitas é adequado para que a seleção seja praticada com previsibilidade do valor real do genótipo acima de 80%.

Bergo et al. (2013) determinaram o coeficiente de repetibilidade das características de produção de pupunheira para palmito, de forma a estimar o número mínimo de avaliações capazes de proporcionar níveis de certeza da predição do valor real das progênes. Houve regularidade na predição da superioridade dos indivíduos ao longo das medições para todas as características avaliadas. São necessários sete ciclos de medições para predizer o valor real de todas as características analisadas das progênes, com acurácia de 85%, pelo método dos componentes principais, com base na matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas.

O trabalho de Matias et al. (2015) teve por objetivos estimar os coeficientes de repetibilidade em cultivares de pessegueiro e nectarineira e predizer o número de medições necessárias para as principais características de fruto. Observou-se a variabilidade genética entre os genótipos. As estimativas de repetibilidade foram elevadas, o que mostra a regularidade das cultivares. Para predizer o valor real dos caracteres de fruto com confiabilidade acima de 80%, são necessários a realização de medições em quatro frutos e quatro anos de avaliação.

Quintal et al. (2017) conduziram um estudo com o objetivo de analisar estrutura de covariância e estimativas de repetibilidade das variáveis relacionadas à produtividade da goiabeira como massa dos frutos (MF), número de frutos (NF) e produção de frutos (PROD) de três safras, em 95 genótipos de uma população segregante. Os valores dos coeficientes de repetibilidade obtidos para PF (0,25),

NF (0,14) e PROD (0,29) foram considerados baixos, indicando que para a população em estudo as três safras realizadas não foram suficientes para selecionar os melhores indivíduos com maior acurácia. Para as variáveis PF e PROD, a partir de cinco medições seria possível a obtenção de estimativas de acurácias em torno de 0,50. Enquanto para a variável NF, observou-se que mais safras seriam necessárias. Estes valores indicam que em populações segregantes de goiabeira, avaliações nas primeiras safras, não são suficientes para seleção de genótipos mais estáveis para as variáveis consideradas neste estudo.

O trabalho realizado por Paiva et al. (2019) teve como objetivo estimar qual o melhor número de colheita a ser realizado para selecionar os genótipos produtivos, com boa adaptabilidade e estabilidade, para características relacionadas à produção via modelos mistos. Nos resultados, verificou-se que cinco medidas previstas do mesmo indivíduo foram suficientes para a seleção de genótipos promissores de goiaba nos estágios iniciais do programa de melhoramento. O ganho genético previsto para os 30 melhores indivíduos foi superior ao alcançado com a progênie. Esses genótipos podem ser usados como pais em novos cruzamentos e na recomendação de propagação clonal.

3.3.2.2 Análise de estabilidade e adaptabilidade via modelos mistos.

A análise REML/BLUP permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade e pode ser aplicada a qualquer número de ambientes. Além disso, gera resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que os outros métodos não permitem. Assim, a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos (Silva et al. 2011; Rosado et al. 2012).

Na metodologia REML/BLUP, a análise de adaptabilidade e estabilidade é feita a partir de três parâmetros, denominados: a) média harmônica dos valores genotípicos (MHVG); b) performance relativa dos valores genotípicos (PRVG); c) média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). A

MHVG tem como objetivo ordenar os genótipos simultaneamente pela sua produtividade e estabilidade. Em contrapartida, a PRVG é utilizada para selecionar os genótipos com maior adaptabilidade genotípica.

A MHPRVG, diferente dos outros dois parâmetros, seleciona os genótipos quanto a estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente. Além disso, o modelo ajusta os efeitos de locais e blocos dentro de locais e anos no vetor de efeitos fixos, contemplando dessa forma todos os graus de liberdade disponíveis nas fontes de variação referentes a locais e blocos dentro de locais e anos. Dessa forma, para os valores genotípicos preditos obtidos para um dado genótipo, em cada local, simultaneamente, são utilizados os dados de todos os locais e anos. Nesse caso, de acordo com Resende (2007), os efeitos aleatórios (genótipos, interação genótipos x locais, interação genótipos x anos, interação genótipos x locais x anos) são preditos com maior precisão, uma vez que todo o conjunto de dados é utilizado, bem como os ruídos da interação são eliminados quando se produzem os BLUP's

Bastos et al. (2007) utilizaram o método MHPRVG na avaliação da interação genótipos x ambientes em cana-de-açúcar em sete ambientes de Minas Gerais. O método MHPRVG mostrou-se altamente correlacionado com os parâmetros da metodologia DRRB-CV e com os valores genotípicos que capitalizam a interação genótipo x ambiente média. Contudo, o método MHPRVG, em relação à estatística P_i , apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos. Outra vantagem para seleção de clones é que o MHPRVG contempla simultaneamente os critérios produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

Com a cultura do feijoeiro, Carbonell et al. (2007) estudaram a estabilidade de cultivares e linhagens em diferentes ambientes no Estado de São Paulo, utilizando os métodos MHPRVG, Lin e Binns (1988) e Annicchiarico (1992). Os três métodos selecionaram, praticamente, as mesmas linhagens. Contudo, o método MHPRVG forneceu os resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais foram interpretados diretamente como valores genéticos para produtividade, estabilidade e adaptabilidade simultaneamente.

Borges et al. (2010) avaliaram o desempenho de genótipos de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. As linhagens de arroz de terras altas desenvolvidas para plantio em Minas Gerais apresentam ótima

performance para estabilidade, adaptabilidade e produtividade grãos, simultaneamente. A BRSMG Caravera, entre todas as cultivares e linhagens avaliadas de 1997 a 2008, foi a de melhor desempenho pela MHPRVG, ou seja, maior estabilidade, adaptabilidade e produtividade de grãos, simultaneamente, proporcionando aos orizicultores de Minas Gerais alta segurança no seu cultivo. A metodologia de modelos mistos é uma estatística de fácil aplicação e de grande utilidade na avaliação de ensaios de valor de cultivo e uso, sobretudo na seleção e no descarte de linhagens a cada ano agrícola.

O estudo realizado por Silva et al. (2011) teve como objetivo verificar a adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura diante de ambientes com cultivo orgânico e convencional e realizar a comparação entre as metodologias estatísticas utilizadas. As análises AMMI e GGE Biplot são bastante semelhantes na verificação da adaptabilidade e estabilidade das populações de cenoura, e GGE Biplot agrupa de maneira mais clara os ambientes mais favoráveis e desfavoráveis. A análise REML/BLUP destaca-se das demais e apesar de não informar sobre agrupamento de locais mais semelhantes, apresenta os resultados em função de valores genotípicos levando em consideração os parâmetros de produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

Os autores Santos et al. (2016) realizaram um estudo com o objetivo de verificar a associação entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP e selecionar genótipos de feijão-caupi que reúnam simultaneamente alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade nos ambientes de Mato Grosso do Sul. Houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP na identificação dos melhores genótipos de feijão-caupi para o Estado de Mato Grosso do Sul. Segundo esses métodos, as cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Guariba podem ser cultivadas no Estado, pois reúnem alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade.

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1. Local, delineamento e população avaliada

O experimento foi conduzido na estação experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara-RJ (Região Noroeste), (21°40' latitude sul, 42°04' longitude oeste e altitude de 76 m). O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo (Embrapa, 2006). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 18 famílias endogâmicas, três repetições e 10 plantas por parcela. As 18 famílias endogâmicas avaliadas neste experimento tiveram origem a partir de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011) com um trabalho de pré-melhoramento onde deram origem a 17 famílias segregantes.

Essa população segregante de ampla variabilidade genética foi avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017), onde as progênies mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas para dar origem às 18 famílias endogâmicas que compõem este experimento. As sementes obtidas dos frutos de autofecundações foram semeadas em tubetes (três sementes por tubetes) e mantidas em casa de vegetação. Em julho de 2014 foi realizado o plantio das mudas, em um espaçamento de 5 m entre linhas e 1,5 m entre plantas. A calagem e adubações de plantio e de cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações de Costa e Costa (2003). Foi utilizada a irrigação do tipo localizada por gotejamento. Após o plantio, das 540 plantas que compõem o experimento foram avaliadas que produziram em todas as safras (2016, 2017 e 2018).

3.3.3.2. Características avaliadas

Foram feitas observações em nível de indivíduo para cada uma das três colheitas, nas quais foram avaliados o número de frutos por planta (NF), o peso do fruto (PF) e a produção total (PT). Foi contado o número de frutos (NF) em cada indivíduo, desde o início da frutificação até o final da colheita. O peso do fruto (PF) foi determinado pela amostragem de cinco frutos por planta, utilizando uma balança analítica, com resultados expressos em gramas. A produção total dos indivíduos (PT) foi obtida pela multiplicação do número total de frutos e peso dos frutos, e foi expresso em gramas (Campos et al., 2013).

3.3.3.3. Análise via modelos mistos

A utilização dos modelos mistos é a melhor forma de avaliar a repetibilidade e prever os ganhos genéticos com maior precisão. Desta forma, para essas características foi realizada a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos, bem como a análise de repetibilidade, adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), 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:

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

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, 2002), 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).

Para a abordagem REML/BLUP, bem como para a adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o modelo 62 do programa computacional SELEGEM - REML/BLUP, em que avaliaram um local e várias colheitas (Resende, 2002). A predição dos valores genéticos foi realizada utilizando a abordagem dos modelos mistos, sendo adotado um modelo de acordo com a equação descrita abaixo:

$$y = Xm + Za + Wp + Qi + Ts + e,$$

em que y é o vetor de dados; m é o vetor dos efeitos das combinações medição repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios); i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x

medições (aleatórios); s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos individuais; W é a matriz de incidência dos efeitos de parcela; Q é a matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos x medições; T é a matriz de incidência dos efeitos permanentes. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta, simultaneamente, para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições.

As equações de modelo misto foram dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & & X'W & X'Q & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & & Z'W & Z'Q & Z'T \\ & W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q & W'T \\ & Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 & Q'T \\ & T'X & T'Z & T'W & T'Q & T'T + I\lambda_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \\ \hat{i} \\ \hat{s} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

Onde:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ herdabilidade individual;}$$

$$p = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;}$$

$$i = \frac{\sigma_i^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ coeficiente de determinação dos efeitos de interação de genótipo x medição.}$$

$$s = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; e}$$

A : matriz de coeficiente de parentesco aditiva entre os indivíduos.

Os componentes da variância para o cálculo do coeficiente de repetibilidade foram estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), sendo repetibilidade em nível de parcela (ρ) estimada por:

$$\rho = \frac{V_g + V_{perm}}{V_p}$$

$$\rho = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

Onde V_g é a variância genética entre as plantas, V_{perm} é a variância dos efeitos permanentes, e a V_f é a variância fenotípica.

Os demais parâmetros foram estimados como herdabilidade no sentido amplo em nível individual (h^2_g), ou seja, dos efeitos genotípicos; coeficiente de determinação dos efeitos permanentes (c^2_{perm}); coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x colheitas (c^2_{gm}); a determinação genética (R_2) e a acurácia seletiva após várias medições.

A estimação da estabilidade foi obtida pelo método MHVG (Média Harmônica dos valores genéticos) dada pelo estimador:

$$HMGV = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \left(\frac{1}{Vg_{ij}} \right)}$$

Onde n representa o número de ambientes ou colheitas (n=3 colheitas), i é o genótipo avaliado, e Vg_{ij} é o valor genotípico i no ambiente j.

A adaptabilidade foi mensurada pelos valores de PRVG (performance relativa dos valores genotípicos), conforme a expressão:

$$RPGV = \frac{1}{n} \times \left(\frac{\sum_{j=1}^n Vg_{ij}}{M_j} \right)$$

Sendo M_j a média da variável analisada (massa do fruto, do número de fruto e da produtividade de goiabas), no ambiente j.

Pelo método MHPRVG (média harmônica dos valores genéticos preditos) foi realizada a seleção dos melhores indivíduos dentro de cada progênie que se destacaram, baseada em três aspectos: seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em todas as safras (sem efeito de interação); seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em cada safra (com efeito da interação média) e sem efeito da interação; seleção simultânea quanto a produção, estabilidade (MHVG) e adaptabilidade (PRVG). Esta seleção conjunta é dada por:

$$HMRPGV = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \left(\frac{1}{Vg_{ij}} \right)}$$

Onde n representa o número de ambientes ou colheitas ($n=3$ colheitas), e V_{gij} é o valor do genótipo i no ambiente j expresso como uma proporção da média nesse ambiente.

O software SELEGEN foi utilizado para a abordagem REML/BLUP e para adaptabilidade e estabilidade (Resende, 2016). Os indivíduos foram ranqueados de acordo com os valores genotípicos encontrados. A partir destes valores foi aplicada a seleção das melhores famílias para cada característica nos três anos de avaliação.

3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.4.1. Avaliação genética via modelos mistos

Na análise de deviance foi possível verificar que apenas para o peso do fruto os efeitos dos genótipos foram significativos (Tabela 1), o que demonstra variabilidade entre os genótipos avaliados, com possibilidades de ganho genético pela seleção de indivíduos superiores para essa característica. A baixa variabilidade genética apresentada para as demais variáveis pode ser atribuída ao alto grau de parentesco entre e dentro das famílias endogâmicas, tornando as características dos genótipos mais homogêneas devido a primeira geração de autofecundação realizada na população. Para a variável número de fruto e produção total houve diferença significativa de 1% para efeito de parcela, indicando que há variabilidade genética significativa dentro da parcela.

Entretanto, para todas as variáveis analisadas, os efeitos da interação genótipos x medição foram altamente significativos. Este fato, é devido aos efeitos ambientais que corrobora para que a interação genótipo x medição fosse significativa. Isso pode causar um problema ao realizar a seleção, pois há pouca coincidência entre os melhores genótipos nas colheitas avaliadas. Outro fator da diferente resposta dos genótipos nos diferentes anos agrícolas (medição/colheita) avaliados é evidenciado pelo aumento significativo do número de fruto e produção de uma safra para outra.

Dessa forma, para contornar esses fatores é necessário que se utilize um modelo que considere esta interação genótipo x colheita, recomendando com precisão os genótipos promissores. Deste modo, vale destacar que as principais vantagens da utilização da metodologia REML/BLUP utilizada neste estudo é permitir comparar indivíduos ou variedades em função do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; lida com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Viana e Resende, 2014).

Tabela 1. Análise de Deviance para peso do fruto, número de frutos e produção total em famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliadas em quatro safras. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Efeito	PF(g)		NF		PT (kg)	
	Dev	LRT	Dev	LRT	Dev	LRT
Genótipo	4379,91	7,14**	4146,70	0,61ns	9899,71	0,67ns
Parcela	4372,92	0,15ns	4156,38	10,29**	9910,20	11,16**
Genótipo x Medição	4394,46	21,69**	4151,66	5,57*	9908,16	8,92**
Ambiente permanente	4593,64	220,87**	4367,64	221,55**	10130,06	230,82**
Modelo completo	4372,77		4146,09		9899,24	

NF: número de Frutos; PF: peso do fruto; PT: Produção total * significativo a 5%, ** significativo a 1%. ns = não significativo.

Nos resultados dos componentes de variância, observa-se que a variância fenotípica foi desmembrada em variância genética, variância da interação genótipos x medições, variância de efeitos permanentes e variância residual temporária. Constatou-se que a contribuição da variância genética foi pequena para as variáveis peso do fruto (384,18), número de fruto (52,91) e produção total (1515625,22), predominando os efeitos ambientais, com destaque para os efeitos permanentes, evidenciando que os caracteres foram bastante influenciados pelas condições ambientais, fato comprovado pela baixa herdabilidade (Tabela 2). Como exposto por Cruz (2012), quanto menor a variância genética e maior o efeito ambiental menor será a herdabilidade da característica, e isto pode ser demonstrado pelos resultados obtidos. Neste contexto, a expressão desses

caracteres é complexa, devido ao grande número de locos segregantes controlando o caráter, sofrendo, ao mesmo tempo, a influência dos efeitos de ambiente. Sendo assim, o entendimento da herança e os componentes determinantes de sua variação são cruciais no estudo dos caracteres quantitativos (Falconer, 1997).

A herdabilidade individual obtida para as variáveis estudadas foram de 0,21 para peso do fruto, 0,05 para número de fruto e 0,04 para produção total (Tabela 2). De acordo com Resende (2002) a herdabilidade é classificada como baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e de alta magnitude ($h > 0,50$). Neste contexto, os valores encontrados neste estudo são considerados de baixa e mediana magnitude para herdabilidade em nível individual, corroborando assim, com os resultados de outras culturas perenes como guaraná (0,06%) (Atroch et al. 2004) e café (0,07%) (Pereira et al. 2013). Mas vale destacar que os valores de pequena e média magnitude para herdabilidade são esperados, principalmente por se tratar de característica quantitativa em espécies perenes, que são suscetíveis a variações climáticas ao longo dos anos. Neste contexto, Resende (2002) descreve que as herdabilidades individuais de baixa magnitude são comuns para caracteres quantitativos. Além disso, a utilização de procedimentos de seleção via modelos mistos se justifica, pois mesmo com caracteres de baixa herdabilidade, os ganhos genéticos favoráveis são preditos, e os genótipos têm potencial para a seleção.

O coeficiente de repetibilidade baseado nas três medidas apresentou alta magnitude, com valores de (0,71), (0,71) e (0,72) para peso do fruto, número de frutos e produção total, respectivamente (Tabela 2). Segundo Resende (2002) é considerado como baixos os valores de repetibilidade iguais ou inferiores a 0,30, e como medianos os valores entre 0,30 e 0,60 e acima de 0,60 como elevado. Deste modo, os altos valores da estimativa do coeficiente de repetibilidade das características avaliadas neste estudo indicam que é possível prever o valor real dos indivíduos com um número relativamente pequeno de medições (Cornacchia et al., 1995), indicando que haverá pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medidas (Falconer, 1987). No entanto, quando a repetibilidade é baixa, grande número de repetições é necessário para que se alcance um valor de determinação satisfatório. Sendo assim, o conhecimento do coeficiente de repetibilidade permite, portanto, que a fase de avaliação seja executada com eficiência, mas com dispêndio mínimo de tempo e mão de obra.

Tabela 2. Componentes de variância obtidos pelo REML individual para peso do fruto (PF), número de frutos por planta (NF) e produção total (PT) dos frutos em famílias endogâmicas de *P. guajava* avaliadas em três safras. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Componentes de Variância	PF (g)	NF	PT (kg)
V_g	384,18	52,91	1515625,22
V_{parc}	28,95	159,14	5568714,40
V_{gm}	62,28	20,84	878287,64
V_{perm}	883,48	597,55	20692330,46
V_e	462,29	305,99	10096552,55
V_f	1821,19	1136,45	38751510,29
h^2_g	0,21	0,05	0,04
c^2_{plot}	0,015	0,14	0,14
c^2_{gm}	0,03	0,01	0,02
c^2_{perm}	0,48	0,52	0,53
r	0,71	0,71	0,72
r_{gmsm}	0,86	0,71	0,63
Media Geral	186,21	58,40	10519,95

V_g : variância genotípica entre progênies (1/4 da variação aditiva); V_{parc} : variância ambiental entre parcelas; V_{gm} : variância da interação genótipos x medições; V_{perm} : variância dos efeitos permanentes; V_e : variância residual temporária; V_f : variância fenotípica individual; h^2_g = herdabilidade entre progênies em nível individual; r : repetibilidade individual; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; c^2_{gm} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições. c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanentes. r_{gmed} : correlação genotípica através das medições; a média geral do experimento.

Na tabela 3 estão apresentados os valores relacionados a estimativa do coeficiente de determinação genética, acurácia e ganho de eficiência da seleção que seriam obtidos pela realização de até dez medições em cada indivíduo. Com esses valores é possível prever a eficiência de m medidas em situação nas quais apenas uma medida é realizada. Nos resultados foi possível verificar que houve pouco aumento da determinação genética de uma safra para outra, devido ao valor da repetibilidade para três características ser de alta magnitude, ocasionando assim pequenos valores de incremento da acurácia e eficiência entre as medições.

Com a avaliação de três safras observou-se o valor determinação genética de 0,88 para ambas as características. Deste modo, com a utilização de três medidas é suficiente para estimar o valor real dos indivíduos, com confiabilidade acima de 80%. Viana e Resende (2014) destaca que, quando se seleciona um grupo de indivíduos, valores de coeficiente de determinação acima de 80% podem ser considerados adequados. Este resultado é muito importante para o

melhoramento desta população, uma vez que possibilita a economia de tempo e recurso na seleção de indivíduos superiores. Em contrapartida, no trabalho realizado por Quintal et al. (2017) com uma população segregante de goiabeira, os autores descrevem que os valores dos coeficientes de repetibilidade obtidos para PF (0,25), NF (0,14) e PROD (0,29) foram considerados baixos, indicando que para a população em estudo as três safras realizadas não foram suficientes para selecionar os melhores indivíduos com maior acurácia. Para as variáveis PF e PROD, a partir de cinco medições seria possível a obtenção de estimativas de coeficiente de determinação genética e acurácia mais precisas para a seleção de genótipos com maior confiabilidade.

Neste contexto, uma das finalidades do coeficiente de repetibilidade é justamente a possibilidade de determinar quantas observações fenotípicas devem ser realizadas em cada indivíduo, a fim de que a seleção dos genótipos seja otimizada, reduzindo o custo e a mão de obra (Cruz et al., 2012). Sendo assim, neste estudo as características avaliadas apresentaram alta regularidade nas medidas e por serem altamente repetíveis otimizam os processos de fenotipagem e exigem custo mais baixo em termos de força de trabalho e tempo. Deste modo, o conhecimento do coeficiente de repetibilidade das características de interesse permite avaliar o dispêndio de tempo necessário para que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com a acurácia desejada pelo pesquisador (Bruna et al., 2012).

Neste âmbito, as baixas estimativas da herdabilidade encontradas neste estudo podem ter contribuído para baixos e medianos valores de acurácia seletiva para número de fruto (0,24), produção total (0,22) e peso do fruto (0,51). No entanto, essas foram eficazes para direcionar o número mínimo de avaliações que devem ser realizadas na população. Os valores de acurácia na seleção individual variaram de baixos a moderados, segundo a classificação de Resende e Duarte (2007). De acordo com Sturion e Resende (2005), vários fatores influenciam no valor da acurácia seletiva, dentre eles, destacam-se a herdabilidade, a repetibilidade do carácter, qualidade de informações e dos procedimentos utilizados na estimação dos valores genéticos. (Resende e Duarte, 2007). De maneira geral, o uso de três mensurações possibilitou um aumento da eficiência seletiva (E_f) de 10% para produção total e de 11% para peso de fruto e número de fruto. De posse dos valores de E_f , verifica-se que as características com elevada repetibilidade, a seleção dos

indivíduos superiores pode ser efetuada com três mensurações atingindo um ideal valor de determinação genética.

Tabela 3. Eficiência das medidas repetidas preditas pelo Blup para peso do fruto, número de frutos e produção total em famílias endogâmicas de goiabeira, avaliadas em três safras. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

m	Peso do fruto (g)				Número de fruto				Produção total (kg)			
	h^2_{avg}	R^2	A_{cm}	Ef	h^2_{avg}	R^2	A_{cm}	Ef	h^2_{avg}	R^2	A_{cm}	Ef
1	0,21	0,71	0,45	1,00	0,05	0,71	0,22	1,00	0,04	0,72	0,20	1,00
2	0,24	0,83	0,49	1,08	0,05	0,83	0,24	1,08	0,04	0,83	0,21	1,07
3	0,26	0,88	0,51	1,11	0,06	0,88	0,24	1,11	0,04	0,88	0,22	1,10
4	0,26	0,90	0,51	1,13	0,06	0,91	0,25	1,13	0,05	0,91	0,22	1,12
5	0,27	0,92	0,52	1,14	0,06	0,92	0,25	1,14	0,05	0,92	0,22	1,13
6	0,27	0,93	0,52	1,14	0,06	0,93	0,25	1,14	0,05	0,93	0,22	1,14
7	0,27	0,94	0,52	1,15	0,07	0,94	0,25	1,15	0,05	0,94	0,22	1,14
8	0,28	0,95	0,53	1,15	0,07	0,95	0,25	1,15	0,05	0,95	0,23	1,15
9	0,28	0,95	0,53	1,16	0,07	0,96	0,25	1,16	0,05	0,95	0,23	1,15
10	0,28	0,96	0,53	1,16	0,07	0,96	0,26	1,16	0,05	0,96	0,23	1,15

Coeficiente de determinação da repetibilidade (R^2), acurácia dos valores fenotípicos permanentes baseados em m anos de avaliação (A_{cm}) e eficiência das m avaliações, comparadas com a situação em que apenas uma avaliação é realizada (Ef).

Em relação as famílias endogâmicas mais promissoras, verificou-se que os ganhos genéticos preditos foram satisfatórios para peso do fruto (31% a 2%), produção total (9% a 0,23%) e número de frutos (6% a 0,33%). As seis melhores famílias selecionadas para as características produção total e número de fruto foram coincidentes, com destaque para 1, 4, 6, 12, 8 e 2. Entretanto, não ocorreu com o mesmo com a variável peso do fruto, pois apenas a as famílias 1, 6 e 12 foram selecionadas para ambas as variáveis (Tabela 4).

Deste modo, vale destacar que algumas famílias que apresentaram os melhores valores para peso do fruto diferenciaram-se das mais promissoras em relação ao número de frutos e produção total. Isto se deve ao fato que geralmente as plantas que possuem maior massa de fruto, produzem menor número de fruto e conseqüentemente menor produção. Segundo Gonzaga Neto et al., (1987), o aumento do peso médio dos frutos está relacionado com o número de frutos produzidos por planta, assim sendo, a maior quantidade de frutos na planta pode induzi-la a produzir frutos menores em peso e tamanho, pois as reservas

disponíveis seriam usadas para o enchimento de maior número de frutos limitando o tamanho alcançado por cada um deles.

Do total de indivíduos avaliados, 100% apresentaram novas médias com desempenho superior ao da média geral para as ambas variáveis. Isto indicaria haver grande probabilidade de encontrar novos genótipos promissores entre e dentro das melhores famílias endogâmicas. Em relação a diferença entre a maior e a menor nova média dos genótipos no ordenamento, verifica-se baixa amplitude para todas as características, fato este, devido ao estreitamento das médias preditas, provocado pelo REML/BLUP, que faz com que as diferenças existentes entre os genótipos fiquem menores e sejam decorrentes mais de efeitos genéticos do que ambientais (Resende, 2002).

Tabela 4: Ordenamento, ganho predito e a nova média para peso dos frutos, número de frutos, e produção total das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliadas em três safras. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020)

Ord.	Peso do fruto (g)			Número de fruto			Produção total (kg)		
	Família	Média	Ganho (%)	Família	Média	Ganho (%)	Família	Média	Ganho (%)
1	1	217,65	31,44	4	65,28	6,88	1	11506,40	9,38
2	10	212,60	26,38	8	64,23	5,83	4	11438,12	8,73
2	6	210,17	23,95	12	63,17	4,77	6	11322,32	7,63
4	7	204,67	18,45	1	62,50	4,10	12	11217,06	6,63
5	11	200,48	14,27	6	61,85	3,45	8	11115,29	5,66
6	12	197,57	11,36	2	61,25	2,85	2	10999,48	4,56
7	4	194,84	8,62	17	60,79	2,39	17	10901,45	3,63
8	17	192,75	6,54	9	60,36	1,95	7	10806,88	2,73
9	2	191,10	4,8	7	59,82	1,42	9	10723,19	1,93
10	9	188,88	2,66	11	59,05	0,65	10	10624,60	0,99
11	8	186,21	1,33	10	58,40	0,33	11	10519,95	0,23

Em relação a análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica verifica-se coincidência no ordenamento das famílias mais produtivas pelos critérios de adaptabilidade (PRVG), de estabilidade (MHVG), e de ambos simultaneamente (MHPRVG) (Tabela 5). Segundo Pinto Júnior et al. (2006) e Resende (2007), os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam concordância no ordenamento dos materiais genéticos e a utilização desses atributos ou critérios de seleção,

propiciam um refinamento na seleção, na inferência de predições seguras sobre os valores genéticos e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Os respectivos valores de MHPRVG indicam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que for cultivado, ou seja, segundo Resende, (2004) é uma inferência sobre a produtividade esperada, tais estimativas de MHPRVG podem ser usadas quando for considerar o plantio em vários locais com variados padrões de interação G X A.

Para as características número de fruto e produção total, as primeiras famílias selecionadas (1, 4, 6, 8 e 12) apresentaram adaptabilidade, estabilidade, além de possuir alta produtividade, ou seja, observou-se o predomínio desses atributos nas várias colheitas. Em contrapartida, algumas famílias que se destacaram para número de fruto e produção total diferenciaram-se das mais promissoras em relação ao peso do fruto (10, 7 e 11). No entanto, as famílias 1, 6 e 12 se destacaram como superiores para três características avaliadas demonstram assim, o seu elevado potencial produtivo.

Esses resultados indicam que as famílias mais produtivas são também as que apresentaram resposta mais estável e de maior adaptabilidade, principalmente se considerar a seleção das cinco primeiras famílias. Deste modo, a caracterização de famílias endogâmicas quanto aos seus padrões relativos de adaptabilidade e estabilidade após o processo de seleção para capacidade produtiva é de grande importância para a seleção de famílias endogâmicas a serem usadas para dar continuidade ao programa de melhoramento. Com base nos padrões de adaptabilidade, estabilidade e produtividade foi possível identificar as famílias S₁ superiores que foram autofecundadas para obtenção das famílias S₂.

Após a avaliação das três safras, foram selecionadas as dez (10) plantas/famílias S₁ mais produtivas e foram autofecundadas para dar origem as famílias S₂ dando continuidade ao programa em desenvolvimento. Verificou-se que os valores fenotípicos para a produção estão entre 13 a 48kg por planta, indicando assim, o elevado potencial produtivo das famílias endogâmicas (Tabela 6). Gonzaga Neto et al. (2001) afirmam que a primeira safra da goiabeira 'Paluma', a partir de aproximadamente 12 a 14 meses após o plantio no campo, em áreas irrigadas do Nordeste, pode atingir até 15 kg de fruto por planta.

Tabela 5. Análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica em famílias endogâmicas de *P. Guajava*. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Peso de fruto (g)						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MG
1	1	219,13	1,18	219,69	1,17	219,54
2	10	208,41	1,17	208,96	1,12	208,86
3	6	205,90	1,10	208,96	1,10	206,44
4	7	186,58	1,10	187,88	1,00	187,61
5	11	182,94	0,98	183,58	0,98	183,58
6	12	180,72	0,97	182,32	0,97	181,86
7	4	177,50	0,95	178,05	0,95	178,04
8	17	176,87	0,95	177,63	0,95	177,60
9	2	176,09	0,95	177,14	0,95	176,99
10	9	167,62	0,95	168,07	0,90	168,03
11	8	158,08	0,85	158,52	0,84	158,21
Número de fruto						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MG
1	4	51,82	1,11	65,19	1,11	65,08
2	8	49,98	1,07	62,87	1,07	62,76
3	12	49,98	1,05	61,47	1,05	61,46
4	1	49,94	1,04	61,09	1,04	61,08
5	6	48,07	1,01	59,26	1,01	59,26
6	17	47,41	0,99	58,13	0,99	58,13
7	2	47,01	0,99	58,10	0,99	58,10
8	9	46,85	0,98	57,38	0,98	57,38
9	7	44,96	0,94	55,22	0,94	55,22
10	10	42,92	0,88	51,86	0,88	51,77
11	11	42,57	0,88	51,79	0,88	51,76
Produção total (kg)						
Ordem	Família	MHVG	PRVG	PRGV*MG	MHPRGV	MHPRVG*MG
1	1	9563,10	1,09	11556,50	1,09	11537,13
2	4	9446,10	1,07	11311,08	1,07	11275,26
3	6	9274,02	1,05	11078,78	1,05	11066,46
4	12	9194,68	1,05	11078,26	1,05	11049,70
5	8	8820,22	1,00	10581,96	1,00	10532,26
6	2	8788,13	0,98	10410,17	0,98	10408,84
7	17	8666,10	0,98	10363,53	0,98	10355,99
8	7	8629,18	0,96	10145,51	0,96	10134,07
9	9	8478,94	0,95	10015,09	0,95	10013,09
10	10	8336,89	0,92	9736,63	0,92	9719,11
11	11	8101,59	0,89	9441,89	0,89	9419,68

MHVG: Média Harmônica dos Valores Genéticos; MHPRVG: Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos; MHPRVG*MG: Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos relativa dos valores genotípicos; PRVG*MG: performance relativa dos valores genotípicos multiplicado PRVG: performance relativa dos valores genotípicos; PRVG*MG: performance relativa dos valores genotípicos multiplicados pela média geral

Em relação ao número de fruto, foi possível verificar valores de 68 a 270 frutos por planta. Para peso do fruto, observou-se uma média de 189g para as plantas/famílias selecionadas. A cultivar ‘Paluma’ está entre as mais plantadas nos pomares brasileiros, produz em média 188 frutos por planta com uma massa de fruto de 140 gramas (Cardoso et al., 2011). Deste modo, vale destacar que o número de frutos, e a média da massa do fruto das progênes avaliadas é superior da cultivar comercial ‘Paluma’. Segundo Choudhury (2001), o fruto considerado de classe I (frutas dos tipos maiores), quando possui peso igual ou superior a 180 g, adequado, preferencialmente, para o consumo *in natura*.

Sendo assim, os resultados indicam que a população estudada é promissora, e os dez (10) indivíduos selecionados possuem potencial para serem utilizados como genitores na obtenção de novas famílias endogâmicas dando continuidade ao programa de melhoramento.

Tabela 6. Tabela com valores fenótipos para peso dos frutos, número de frutos, e produção total das melhores plantas/famílias endogâmicas de *P. guajava*, que foram avaliadas e selecionadas nas três safras. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2020).

Ordem	Peso do fruto (g)		Número de fruto		Produção total (kg)	
	Indivíduo*	Valor Fenotípico	Indivíduo *	Valor Fenotípico	Indivíduo *	Valor Fenotípico
1	3/1/6	245,38	3/1/6	200	3/1/6	48,106
2	2/4/8	228,50	2/4/8	69	2/4/8	15,268
3	1/6/3	263,52	1/6/3	136	1/6/3	28,014
4	3/7/4	196,00	3/7/4	68	3/7/4	14,130
5	2/8/2	132,63	2/8/2	237	2/8/2	32,249
6	3/9/9	167,40	3/9/9	270	3/9/9	38,683
7	3/10/7	164,60	3/10/7	153	3/10/7	24,653
8	2/11/2	168,70	2/11/2	81	2/11/2	13,325
9	2/12/1	185,50	2/12/1	119	2/12/1	24,200
10	2/17/9	142,75	2/17/9	139	2/17/9	23,102
Média		189,50		147		26,173

Indivíduo* = Bloco/Família/Planta

3.3.5. CONCLUSÕES

Os altos valores de repetibilidade demonstram que o desempenho dos genótipos é constante entre as medições, o que indica a necessidade de apenas três avaliações para seleção dos genótipos superiores com maior confiabilidade.

As famílias 1, 4, 6, 12, 8 são indicadas como as melhores, pois os genótipos foram promissores para número de fruto e produção total.

Houve concordância na escolha das famílias 1, 6 e 12 como as mais produtivas, adaptáveis e estáveis para as características peso do fruto, número de fruto e produção total.

As plantas das famílias 1, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 e 17 foram selecionadas e autofecundadas para a obtenção das famílias S_2 para dar continuidade ao programa em desenvolvimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abeywardena, V. (1972) An application of principal component analysis in genetics. *Journal of Genetics*, 61:27-51.
- Ali, Z.M., Lazan, H. (2001) Guava. In: Mitra, S. K. *Postharvest physiology and storage of tropical and subtropical fruits*. New York: CAB International, p. 146-165.
- Alves, F.M., 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*, 30: 696-701.
- Alves, J.E., Freitas, B. M. (2007) Requerimento de polinização da goiabeira. *Ciência Rural*, Santa Maria, 37:1281-1286.
- Alves, R.R., Carlos, L.C.C., Salomão, C., Siqueira, D.L., Cecon, P.R., Silva, D.F.P. (2012) Relações entre características físicas e químicas de frutos de maracujazeiro-doce sweet passion fruit cultivated in Viçosa, *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34: 619–623.
- Amaral Junior, A. T., Freitas Júnior, S.P., Rangel, R.M., Pena, G.F., Ribeiro, R.M, Morais., R.C, Schuelter, A.R. (2010) Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of current selection program carried out

in two different environments. *Genetic and Molecular Research*, 9:340-370 2010.

Assunção, M.P., Krause, W., Dallacort, R., Santos, P.R.J., Neves, L.G. (2015) Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. *Revista Caatinga*. 28: 57-63.

Atroch, A.L., Resende, M., Nascimento Filho, F.J. (2004) Seleção clonal em guaranazeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). *Revista de Ciências Agrárias*, 41:193-201.

Azzolini, M.; Jacomino, A.P.; Spoto, M.H.F. (2004) Estádios de maturação e qualidade pós-colheita de goiabas 'Pedro Sato'. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 26: 29-31.

Barbé, T.da C., Amaral Júnior, A.T.do., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Scapim, C.A. (2010) Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. *Euphytica*, 173: 337-343.

Bastos, I.T., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Peternelli, L.A., Silveira, L.C.I., Donda, L.R., Fortunato, A.A., Costa, P.M.A., Figueiredo, I.C.R. (2007) Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37: 195-203.

Bergo, C.L., Negreiros, J.R.daS., Miqueloni, D. P., Lunz, A.M.P. (2013) Estimativa de repetibilidade de caracteres de produção em pupunheiras para palmito da raça Putumayo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35:829- 836.

Borges, V., Soares, A. A., Reis, M.S., Resende, M.D.V., Cornélio, V.M.O., Leite N. A., Vieira A. R. (2010) Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, 69: 833-841.

Bruna, D.E., Moreto, A.L., Dalbó, M.A. (2012) Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34:206- 215.

- Cabral, P.D.S., Soares, T.C.B., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T., Lima, A.B.P., Rodrigues, R., Matta, F.P. (2010) Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 45:1124-1132.
- Campos, B. M., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Gonçalves, L. S. A., Pessanha, P. G. O. (2013). Quantificação da divergência genética entre acessos de goibeira por meio da estratégia Ward-MLM. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35:571-578.
- Campos, B.M., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Barbosa, C.D., Daher, R.F. (2016) Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38:151-157.
- Carbonell, S.A.M., Chiorato, A.F., Resende, M.D.V., Dias, L.A.S., Beraldo, A.L.A., Perina, E.F. (2007) Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. *Bragantia*, 66: 93-201.
- Cardoso, E.A., Costa, J.T.A., Soares, I.S., Silva, R.M., Maracajá, P.B. (2011) Produtividade da goibeira 'Paluma' em função da adubação mineral. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, 6:149 – 153.
- Cargnin, A. (2016) Repetibilidade e número de colheita de características para seleção de clones de variedades viníferas. *Ciência Rural*, 46: 221-226.
- Carias, C.M.O., Gravina., G.A., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F.A., Ferrão, R.G., Vivas, M., Viana, A. P. (2016) Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em progênies de café conilon. *Coffee Science*, 11:39-50.
- Cavalini, F.C., Jacomini, A. P., Trevisan, M.J., Miguel, A.C.A. (2015) Ponto de colheita e qualidade de goiabas 'Kumagai' e 'Paluma'. *Revista Brasileira de Fruticultura*. Jaboticabal, 37: 064-072.
- Choudhury, M.M. *Goiaba: pós-colheita*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. 45p. (Embrapa Informação Tecnológica. Frutas do Brasil, 19)
- Cornacchia, G., Cruz, C. D., Lobo, P. R., Pires, I. E. (1995) Estimativas do coeficiente de repetibilidade para características fenotípicas de procedências

de *Pinus tecunumanii* (Schw.) Eguluz, Perry e *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret, Golfari. *Revista Árvore*, 19:333-345.

Cornellius, J. (1994) Heretabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. *Canadian Journal of Forestry Research*, 24:371 - 379.

Coser, S. M., F, M. F. S., Ferreira, A., Saraiva, S. H. (2014) Diversidade genética de seleções de goiabeiras cortibel. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 36:391-399.

Costa, A.F.S; Costa, A.N. (2003) *Tecnologias para produção de goiaba*. Instituto Capixaba de Pesquisa e extensão Rural, Vitória.

Crisóstomi, L. A.; Naumov, A. (2009) *Adubando para alta produtividade e qualidade: fruteiras tropicais do Brasil*. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 238 p. (Embrapa Agroindústria Tropical, IIP. Boletim 18).

Crossa, J; Franco, J. (2004) Métodos estatísticos para classificar genótipos. *Euphytica*, 137:19-37.

Cruz C.D., Regazzi A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v.1, 4.ed. Editora UFV, Viçosa, 514p.

Cruz, C.D. (2013) GENES- a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35:271-276.

Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, v. 2, 585 p.

Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v.2, 3ª. ed. Viçosa: UFV, 668p.

Cruz, C.D., Carneiro, PCS. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, vol.2. 585p.

Cruz, C.D., Ferreira, FM., Pessoni, LA. (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco: Suprema, 620p.

- Cruz, C.D., Regazzi AJ. (2001) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 390p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, Editora UFV. 480p.
- Cutter, E.G. (1987) *Anatomia Vegetal. Parte II - Órgãos, Experimentos e Interpretação*. Roca, São Paulo.
- Dalbosco, E.Z., Krause, W., Grillo, L.N., Araújo, D.V. de., Hiega, K.M.R., Silva, C.G. DA. (2018) Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40:282.
- Danner, M.A. et al. Repetibilidade de caracteres de fruto em araçazeiro e pitangueira. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 40, n. 10, p. 2086-2091, 2010.
- Degenhardt, J., Ducroquet, J.P., Reis, M.S.dos., Guerra, M.P., Nodari R.O. (2002) Efeito de anos e determinação do coeficiente de repetibilidade de características de frutos de goiabeira-serrana. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37:1285-1293.
- Durigan, J.F. (1997) Colheita, Conservação E Embalagens. In: Simpósio Brasileiro Sobre a Cultura da Goiabeira, 1., Jaboticabal. *Anais...Jaboticabal*: FUNEP, p.152-154.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. (2006) Centro Nacional de Pesquisa do Solo. *Sistema brasileiro de classificação de solos*. 2 ed. Rio de Janeiro, Embrapa Solos, 306p.
- Falconer, D. S. (1987) *Introdução a genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 279 p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 464p.
- Faostat, F., (2013) *Agriculture organization of the United Nations*. FAO, Retrieved from. Disponível em: <http://faostat3.fao.org/faostatgateway/go/to/download/Q/QC/S>. Acesso, 2019.

- Farias Neto, J.T., Resende, M.D.V., Oliveira, M.S.P., Nogueira, O.L., Falcão, P.N. B., Santos, N. S. A. (2008) Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30: 1051-1056.
- Ferreira R.T., Viana, A.P., Silva, F.H.L., Santos, E.A., Santos, J.O. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 38: 158-166.
- Ferreira, F. M., Neves, L.G., Bruckner, C.H., Viana, A. P., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Formação de *supercaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo*. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32: 247-254.
- Francisco, J.P., Diotto, A.V., Folgatti, M.V., Silva, L.D.B., Piedade, S.M.S. (2014) Estimativa da área foliar do abacaxizeiro cv. Vitória por meio de relações alométricas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36: 285-293.
- Franco, J., Crossa J., Villasenõr, J., Taba, S. (1998). Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Science*, 38:1688-1696.
- Franco, J., Crossa, J., Taba, S., Shands, H. (2005) A sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. *Crop Science*, 45:1035-1044.
- Freitas, I.L.J., Amaral Júnior, A.T. do., Freitas Junior, S.P., Cabral, P.D.S., Ribeiro, R.M., Gonçalves, L.S.A. (2014) Genetic gains in the UENF-14 popcorn population with recurrent selection. *Genetic and Molecular Research*. 13: 518-527.
- Freitas, I.L.J., Amaral Junior. A T., Viana, A.P., Pena, G.F., Cabral, P.S., Vittorazzi, C., Silva, T.R.L.da.C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48:1464-1471.
- Freitas, J. C.O., Viana, A. P., Santos, E. A., Silva, F. H.L, Paiva, C. L., Rodrigues, R., Souza, M.M., Eiras, M. (2015) Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). *Tropical Plant Pathology*, 40: 291–297.

- Gomes Filho, A.G. (2009) *Diversidade genética em acessos de goiabeiras (Psidium Guajava L.) Provenientes de Bom Jesus do Itabapoana – RJ*. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) Campos dos Goytacazes- RJ. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- UENF, 134p
- Gomes, V.M., Ribeiro, R. M., Viana, A.P., Souza, R.M., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Almeida, O. F. (2017) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *Journal of Plant Pathology*, 148: 699-708.
- Gonçalves, G. M., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T.D., Resende, M.D.V.D. (2014) Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental interaction. *Scientia Agricola*, 71:66-71.
- Gonçalves, L.S., Rodrigues, R., do Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2009) Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. *Genetics and Molecular Research*, 8:364-374.
- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2008b) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, 7:1289-1297.
- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Bento, C.S., Moulin, M.M., Araújo, M.L., Daher, R.F., Pereira, T.N.S.; Pereira, M.G. (2008a) Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. *Horticultura Brasileira*, 26:362-368.
- Gongatti Netto, A. et al. (1996) *Goiaba para exportação: procedimentos de colheita e pós-colheita*, Brasília: EMBRAPA - SPI,. 35 p: il. (Publicações Técnicas FRUPEX 20).
- Gonzaga Neto, L. *Produção de goiaba*. – Fortaleza: Instituto Frutal, 2007. 64p.
- Gonzaga Neto, L., Abramof, L., Bezerra, J.E.F., Pedrosa, A.C., Silva, H.M. (1987) Seleção de cultivares de goiabeira (*Psidium guajava* L.) para consumo ao natural, na Região do Vale do Rio Moxotó, em Ibibimirim-Pernambuco. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 9:63-66, 1987.

- Gonzaga Neto, L., Pedrosa, A.C., Bezerra, J.E.F., Dantas, A.P., Silva, H.M (1991). Comportamento produtivo de goiabeiras no Vale do Rio Moxotó-Ibimirim-PE. III. Seleções para consumo ao natural do fruto, onze anos de produção. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 13:17-24.
- Gonzaga Neto, L., Soares, J.M. (1994) *Goiaba para exportação: Aspectos Técnicos da Produção*. Embrapa, Brasília, 49p.
- Gonzaga Neto, L.; Soares, J.M.; Teixeira, A.H.C.; Moura, M.S.B. (2001) *Goiaba: produção: aspectos técnicos*. Petrolina:Embrapa Semi-Árido; Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 72p. (Frutas do Brasil, 17p)
- Gower J.C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27:857-874.
- Gutiérrez, L., Franco, J., Crossa, J., Abadie, T. (2003) Comparing a preliminary racial classification with a numerical classification of the maize landraces of Uruguay. *Crop Science*, 43:718-727, 2003.
- Hardner, C.M., Healey, A.L., Downes, G., Herberling, M., Gore, P.L. (2016) Improving prediction accuracy and selection of open-pollinated seed-lots in *Eucalyptus dunnii* Maiden using a multivariate mixed model approach. *Annals of Forest Science*, 73:1035-1046.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490.
- Henderson, C.R. (1973) Sire evaluation and genetic trends. In: *ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM*, 10, Champaign. Proceedings Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.
- Hojo, R. H., Chalfun, N.N.J., Doll Hojo, E.T., Veiga, R. D., Pagils, C.M., Lima, L. C. O. (2007) Produção e qualidade dos frutos da goiabeira 'Pedro Sato' submetida a diferentes épocas de poda. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42:357-362.
- Ide, C. D. et al. (2001) *A cultura da goiaba: perspectivas, tecnologias e viabilidade*. Niterói: PESAGRO-RIO, 36 p.

- Imai, A., Kuniga, T., Yoshioka, T., Nonaka, K., Mitani, N., Fukamachi, H., Hayashi, T. (2016) Evaluation of the best linear unbiased prediction method for breeding values of fruit-quality traits in citrus. *Tree Genetics & Genomes*, 12:119.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, (2014): *lavoura permanente e temporária*. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=11&i=P&c=1181>>. Acesso 28 dezembro de 2019.
- International Union for the Protection of New Varieties of Plants, (1987): *Guidelines for the conduct of tests for distinctness, homogeneity and stability in Guava (Psidium guajava L.)*. UPOV, Geneva.
- Kadam, D.M., Kaushik, P., Kumar, R. (2012) Evaluation of guava products quality. *International Journal of Food Science and Nutrition Engineering*, 2:7-11.
- 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*, 35:1883–1887.
- Kawati, R. Cultivares. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA GOIABEIRA, 1997, Jaboticabal. *Anais do Simpósio Brasileiro sobre a cultura da goiabeira*. Jaboticabal: UNESP, p.1-16.
- Kempthorne, O. (1973) *An introduction to genetic statistics*. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1973. 545p.
- Kim, H.S., Ward, R.W. (1997) Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) based on RFLPs and coefficient of parentage. *Theoretical and Applied Genetics*, 94:472-479.
- Koller, O.C. (1979). *Cultura da goiabeira*. Porto Alegre: Livraria e Editora Agropecuária Ltda, 44p.
- Krause, W., Souza, R.S., Neves, L.G., Carvalho, M.L.S., Viana, A.P., Faleiro, F.G. (2012) Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira (Online)*, 47:51-57.
- Lawrence, C.J.; Krzanowski, W.J. (1996) Mixture separation for mixed-mode data. *Statistic Computational*, 6:85-92.

- Liberato, J.R. (1995) *Aplicações de técnicas de análise multivariada em Fitopatologia*. Tese (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Estadual de Viçosa, Viçosa, 156p.
- Lima, L.C.O. (2007) Produção e qualidade dos frutos da goiabeira ‘Pedro Sato’ submetida a diferentes épocas de poda. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42:357-362.
- Lima, M.A., Durigan, J.F., Pereira, F.M., Ferraudo, A.S. (1999) Caracterização físico-química dos frutos de 19 genótipos de goiabeira, obtidos na FCAV-UNESP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 21:252-257.
- Lima, M.A.C., Assis, J.S., Neto, L.G. (2002) Caracterização dos frutos de goiabeiras e seleção de cultivares na região do sub-médio São Francisco. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 24: 273-276.
- Lira Júnior, J.S., Bezerra, J.E.F., Moura, J.R.M., Santos, V.F. (2014) Repetibilidade da produção, número e peso de fruto em cirigueleira (*Spondias purpúrea* L.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36:214-220, 2014.
- Lira Júnior, J.S.; Bezerra, J.E.F., Lederman, I.E. (2010), Repetibilidade da produção, número e peso de frutos de seleções de pitanga roxa. *Acta Agron* 59:103-110.
- Lush, J.L. *Melhoramento dos animais domésticos*. Rio de Janeiro: Cedegra, 1964. 570p.
- Maia, G.A. et al. (2002) Técnica aumenta tempo de conservação da goiaba. *Revista de Ciência e Tecnologia*, 1:11-12.
- Manica, I., Icuma, I.M., Junqueira, N.T.V., Salvador, J.O., Moreira, A., Malavolta, E. (2000) *Fruticultura Tropical: Goiaba*. Porto Alegre: Cinco Continentes, 374p.
- Marçal, T.S., Guilhen, J.H.S., Oliveira, W.B.S., Ferreira, M.F.S., Resende, M.D.V., Ferreira, A. (2016) Repeatability of biometric characteristics of Juçara palm fruit = Repetibilidade de características biométricas de frutos de palmito Juçara. *Bioscience Journal*, 32:50-60.

- Matias, R.G.P., Bruckner, C.H., Silva, D.F.P.da., Carneiro, P.C.S., Silva, J.O.da C.. (2015) Repetibilidade de caracteres de fruto em pessegueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37:60-70.
- Medina, J.C. (1988) Goiaba I - Cultura. In: INSTITUTO DE TECNOLOGIA DE ALIMENTOS (Campinas, SP). *Goiaba: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos*. 2.ed. rev. ampl. Campinas, 1-120p. (ITAL. Série Frutas Tropicais, 6).
- Menzel, C.M. (1985) Guava: an exotic fruit with potencial in Queensland. *Queensland Agricultural Journal*, 3:93-98.
- Mingoti, S.A. (2005) Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada, Editora UFMG.
- Mohammadl, S.A., Prasanna, B.M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.
- Moreira, A.F.P., Ruas, P.M., Ruas, C.F., Baba, V.Y., Giordani, W., Arruda, I.M., Rodrigues, R., Gonçalves, L.A. (2018) Genetic diversity, population structure and genetic parameters of fruit traits in *Capsicum chinense*. *Scientia Horticulturae*, 236: 1-9.
- Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7: 40-51.
- Nascimento Filho, F.J.do., Atroch, A.L., Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2009) Repetibilidade da produção de sementes em clones de guaraná. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44: 605-612.
- Natale, W. et al. (1996) *Goiabeira: calagem e adubação*. Jaboticabal: Funep.
- Natale, W., Rozane, D.E., Souza, H.A. de., Amorim, D.A.de. (2009) *Cultura da Goiaba- do Plantio à comercialização*. Jaboticabal, SP. Jaboticabal: Funesp, 573p.

- Negreiros, J.R. da S., Neto, R. de C.A., Miqueloni, D.P., Lessa, L.S. (2014) Estimativas de repetibilidade para caracteres de qualidade de frutos de laranjeira-doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 49:40-48.
- Negreiros, J.R. da S., Saraiva, L.L., Oliveira, T.K., Álvares, V.S., Roncatto, G. (2008) Estimativas de repetibilidade de caracteres de produção em laranjeiras-doces no Acre. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43:1763-1768.
- Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. *Revista Ceres*, 57:480-485.
- Nunes da Luz, L., Cavalcanti, S.R., Melo Filho, P.D.A., Gonçalves, A. (2014). Combined selection and multivariate analysis in early generations of intraspecific progenies of peanuts. *Chil. J. Agric. Res.* 74:16-22.
- Nunes, J.A.R., Santana, F.F., Gomes, R.L.F., Lopes, A.C.A., Pereira, M.M.G., SOARES, E.B. (2011) Stratified mass selection of promising *Spondias mombin* clones in a comercial crop. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11:141-148.
- Oliveira, E.J., Fraife Filho., G.A., Freitas, J.P.X., Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. (2012) Plant selection in F₂ segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:191-198.
- Oliveira, E.J., Santos, V.S., Lima, D.S., Machado, M.D., Lucena, R.S., Motta, T.B.N. (2011) Estimativas de correlações genóticas e fenóticas em germoplasma de maracujazeiro. *Bragantia*, 70:255-261.
- Oliveira, I.P.de., Oliveira, L.C., Moura, C.S.F.T., Lima Júnior, A.F.d., Rosa, S.R.A.da (2012) Cultivo da goiabeira: do plantio ao manejo. *Revista Faculdade Montes Belos*, 5:4.
- Oliveira, N.N.S., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Paiva, C.L., Marinho, C.S. (2013) Análise de distância genética entre acessos do gênero *Psidium* via marcadores ISSR. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36:917-923.

- Oliveira, T. N., Santos, M. V. F., Lira, M. A., Mello, A. C. L., Lira Júnior, M. A., Silva, N. G. M. (2011) Estimativa de repetibilidade para mancha ocular em clones de Pennisetum. *Arquivos de Zootecnia*, 60:797- 808.
- Ortiz, R., Crossa, J., Franco, J., Sevilla, R., Burgueño, J. (2008) Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55:151-162.
- Padilla, G., Cartea, M.E., Rodríguez, V.M., Ordás, A. (2005) Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* subsp. *rapa* L. from northwestern Spain. *Euphytica*, 145:171-180.
- Paiva, C.L.de.A., Viana, A.P., Santos, E.A, Quintal, S.S.R. (2019) Repetibility in guava: how many evaluations is necessary for selection the best guava tree?. *Functional Plant Breeding Journal*. 1: 51-60.
- Paiva, M.C., Manica, E., Fioranvanço, J.C. (1993) Competição de cultivares e seleções de goiabeira (*Psidium guajava* L.) em Eldorado do Sul, Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 15: 27-37.
- Pedrozo, C.Â., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de., Silva, F.L. da. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, 10:31-36.
- Pereira, F.M. (1995) *Cultura da goiabeira*. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista. UNESP, FUNEP, 47p.
- Pereira, F.M., Carvalho, C.A., Nachtigal, J.C. (2003) Século XXI: nova cultivar de dupla finalidade. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25:498-500.
- Pereira, F.M., Kavati, R. (2011). Contribution of Brazilian scientific research in developing some of subtropical fruit. *Revista Brasileira de Fruticultura*, E. 092-108.
- Pereira, F.M., Martinez Júnior, M. (1986) *Goiabas para a industrialização*. Ribeirão Preto: Legis Summa, 142 p.
- Pereira, F.M., Nachtigal, J.C. (2002) *Goiabeira*. In: BRUCKNER, C.H. (Ed.). *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa: Editora UFV, p.267–289.

- Pereira, F.M., Ryosuke, K. (2011) Contribuição da pesquisa científica brasileira no desenvolvimento de algumas frutíferas de clima subtropical. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:92-108.
- Pereira, F.M.; Carvalho, C.A.; Nachtigal, J. C. (2003) Século XXI: nova cultivar de goiabeira de dupla finalidade. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25:498-500.
- Pereira, F.M.; Nachtigal, J.C. (2002) *Goiabeira*. In: Melhoria de Fruteiras Tropicais, C. H. Bruckner, ed. Vicoso, UFV. pp.267-289.
- Pereira, F.M.; Nachtigal, J.C. (2009): Melhoria genética da goiabeira. In: Natale, W. (ed.), *Cultura da goiaba do plantio à comercialização*, 371-394. Editora Unesp, São Paulo.
- Pereira, T.B. et al. (2012) Genetic diversity between improved banana diploids using canonical variables and the Ward- MLM method. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 47:1480-1488.
- Pereira, T.B., Carvalho, J.P.F. Botelho, C.E., Resende, M.D.V., Rezende, J. C., Mendes, A.N. G, (2013) Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72: 230-236.
- Pesek, J., Baker, R.J. (1969). Desired improvement in relation to selection indexes. *Canadian Journal of Plant Science*, 49:803-804.
- Pessanha, P.G.de O.; Viana, A. P; Amaral Júnior, A.T.; Souza, R.M.de.; Teixeira, M.C.; Pereira, M.G. (2011) Avaliação da diversidade genética em acessos de *Psidium ssp.* via marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:129-136.
- Pestanana, R.K.N., Amorim, E.P., Ferreira, C.F., Amorim, V.B.O., Oliveira, L.S., Ledo, C.A.S., Silva, S.O. (2011) Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa sp.*) mutants using a multivariate statistical algorithm. *Euphytica*, 178:151-158.
- 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*, 67:133–140.

- Piedade Neto, A., Malagutti, A.M., Dondelli, L.E.R. (2003) Potencialidades e perspectivas da cultura da goiabeira. In: Costa, A.de.F.S., Costa, A.N.da. (eds.) *Tecnologias para produção de goiaba*. Vitória, ES: Incaper, p. 11-24.
- Pinto Júnior, J.E.; Sturion, J.A.; Resende, M.D.V.; Ronzelli Júnior, P. (2006) Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. *Boletim de Pesquisa Florestal*, 53:79-108.
- Piza Junior, C.T., Kavati, R. (1994) *A cultura da goiaba de mesa*. Coordenadoria de Assistência Técnica Integral, CATI, Campinas (Boletim Técnico, 219), 28p.
- Pommer, C.V., Murakami, K.R.N., Watlington, F. (2006) Goiaba no mundo. *O Agrônomo*, 58:22-26.
- Purseglove, J.W. (1968) Myrtaceae. In: Purseglove, J.W. (ed.) *Tropical crops: dicotyledons*. London: Longman, p. 399-419.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Júnior, A.T. (2017a). Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39: (e-866).
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Júnior, A.T. (2017b) Analysis of structures of covariance and repeatability in guava segregating population. *Revista Caatinga*, 30:885-891.
- R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2011 Disponível em: <http://www.R-project.org/>. Acesso em: 05 maio 2019.
- R Core Team. (2015) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria URL <http://www.R-project.org/>. Acesso em: 18 de nov 2019.
- Ramalho, M.A.P., Araújo, L.C. de A. (2011) Breeding self-pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11:1-7.

- Ramos, H.C.C. et al. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*, 20:2973-2983.
- Rebouças, E.B.R., Gentil, D.F.O., Ferreira, S.A.do.N. (2008) Caracterização Física de Frutos e Sementes de Goiaba-da-Costa-Rica, Produzidos em Manaus, Amazonas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:546- 548.
- Resende, M.A.V., Freitas, J.A.de, Lanza, M.A., Resende, M.D.V. de., Azevedo, C.F. (2014) Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 44:334-340.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330 -339.
- Resende, M.D.V. de., Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37:182-194.
- Resende, M.D.V.de. (2000) *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, p. 1-101, (Documentos, 47).
- Resende, M.D.V.de. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 435p.
- Resende, M.D.V.de. (2007) *Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Manual do usuário. 1 ed. Colombo: Embrapa Florestas, 359p.
- Rey, J.Y. (1998) L'étude architecturale du goyavier. II- Expérimentations. *Fruits*, 53 (4):241-255.
- Ribeiro, L.R., Teodoro, P.T., Lopes, M.C., Santos, A.dos, Corrêa, C.C.G., Silva, F.A., Torres, F.E. (2015) Quantify in the genetic divergence among maize

- hybrids using ward-mlm strategy. *Revista brasileira de Milho e Sorgo*, 14:400-408, 2015.
- Risturecci, A.M., Duval, I.M.F., Rohde, W., Billotte, N. (2005) Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Molecular Ecology Notes*, 5:745-748.
- Rocha, M.C., Gonçalves, L.S., Rodrigues, R., Silva, P.R.Ada., Carmo, M.G.F.do., Abboud, A.C.de. (2010) Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32:423-431.
- 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. *Ciência Florestal Santa Maria*, 16:369–379.
- Rodrigues, H.S., Cruz, C.D., Macêdo, J.L.V., Resende, M.D.V., Lopes, R. Borém, A. (2017). Genetic variability and progeny selection of peach palm via mixed models (REML/BLUP). *Acta Scientiarum. Agronomy*, 39:165 173.
- Rodríguez, V.M., Cartea, M.E., Padilla, G., Velasco, P., Ordás, A. (2005) The nabicol: A horticultural crop in northwestern Spain. *Euphytica*, 142:237-246.
- Rosado, A. M., Rosado, T. B., Alves, A. A., Laviola, B. G. e Bhering, L. L. (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47:964-971.
- Rozane, D.E., Oliveira, D.A., Lírio, V.S. (2003) Importância econômica da cultura da goiabeira. In: Rozane, D.E.; Couto, F.A.A. (ed.). *Cultura da goiabeira: tecnologia e mercado*. Viçosa: UFV/EJA. p.1-20.
- Santos, C.A.F., Castro, J.M.C., Souza, F.F., Vilarinho, A.A., Ferreira, J., Pádua, F.R.F.G., Borges, R.M.E., Barbieri, R.L., Souza, A.G.S., Rodrigues, M. A. (2010) Prospecting and morphological characterization of brazilian *Psidium* germplasm. *Acta Horticulturae*, 849:63-68.

- Santos, C.A.F., Corrêa, L.C., Costa, S.R. (2011). Genetic divergence among *Psidium* accessions based on biochemical and agronomic variables. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11:149-156.
- Santos, C.E.M., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Siqueira, D.L., Pimentel, L.D., Rosado, L.D.S. (2010) Repetibilidade em características do fruto do maracujazeiro. *Revista Ceres*, 57:343-350.
- 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*, 204:1-11.
- Santos, R.R. dos., Martins, F.P., Ribeiro, I.J.A., Nascimento, L.M. do., Igue, T. (1998) Avaliação de variedades de goiabeira em Monte Alegre do Sul (SP) *Bragantia*, 57:117-126.
- Santos, V.O.dos., Viana, A.P., PReisigke, S.C., Santos, E.A. (2019) Research Article Characterization of a segregating population of passion fruit with resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* through morpho-agronomic descriptors. *Genetics and molecular research*, 18:1-6.
- SAS Institute – (200) Statistical Analysis System: User's Guide, Cary.
- Silva, F.H.de.L., Viana, A.P., Santos E.A., Freitas, J.C.de.O., Rodrigues, D.L., Amaral Juniot, A.T.do. (2017) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Sci., Agron.* [online], 39:183-190.
- Silva, G.O., Carvalho, A.D.F., Veira, J. V. e Benin, G. (2011) Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP. *Bragantia*, 70:494-590.
- Silva, T.R.C., Amaral, A.T.JR., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Vitorazzi. C., Scapim, C.A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35:57-63.

- Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41:237-245.
- Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7:240-250.
- Soares, E.B., Gomes, R.L.F., Campelo, J.E.G., Lopes, Â.C. de A., Matos Filho, C.H.A. (2008) Repetibilidade e correlações entre caracteres morfo-agronômicos de cajazeira. *Ciência e Agrotecnologia*, 32:1851-1857.
- Sobral, M., Proença, C., Souza, M., Mazine, F., Lucas, E. (2014) Myrtaceaein: *Lista de Espécies da Flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>. Acesso em: 22 de setembro de 2016.
- Sousa, L.B., Silva, E.M., Gomes, R.L.F., Lopes, A.C.A., Silva, I.C.V. (2012) Caracterização e divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* e *P. cincinnata* com base em características físicas e químicas de frutos, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34:832-8393.
- Souza, A. M., Vicini, L. (2005) *Análise multivariada da teoria à prática*. Santa Maria: Departamento de Estatística UFSM.
- Sturion, J.A., Resende, M.D.V. (2004) Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). *Boletim de Pesquisa Florestal*, 50:3-10.
- Sudré, C.P., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T. do., Riva-Souza, E.M., Bento, C.S. (2010) Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genetics and Molecular Research*, 9:283-294.
- Teixeira, D.H.L., Oliveira, M.S.P., Goncalves, F.M.A., Nunes, J.A.R. (2012) Selection index for simultaneous slyimproving fruit production components of assai palm. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47:237–243.
- Torres, F.E., Valle, C.B.do., Lempp, B., Teodoro, P.R., Rigor, J.P.G., Ribeiro, L.P., Corrêa, C.C.G., Luz Júnior. R.A.A.da. (2015) Estimativa da divergência entre

ecótipos de braquiária baseada em descritores quantitativos e qualitativos. *Ciência Rural*, 45:485-491.

Vencovsky, R., Barriga, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

Viana, A.P., Resende, M.D. V.de. (2014). *Genética quantitativa do melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência, 282 p.

Vieira, E.A., Carvalho, F.I.F., Bertan, I., Kopp, M.M., Zimmer, P.D., Benin, G., Silva, J.A.G., Hartwing, I., Malone, G., Oliveira, A.C. (2007) Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. *Genetics and Molecular Biology*, 30:392-399.

Vilela, F.O., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Freitas Júnior, S.P. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 30: 25-30.

Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research*, 13:4797-4804.

Ward, J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, 58: 236 – 244.

Yokomizo, G.K.I., Santos, I.C.dos, Freitas, A.C.de. (2017) Comparação de características produtivas entre progênies de meios irmãos de mangabeiras de populações do Amapá e da Paraíba. *Revista Agro@ambiente On-line*, 11:63-70.