

**SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA
VIA MODELOS MISTOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES**

FERNANDO HENRIQUE DE BARROS WALTER

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2021**

SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA
VIA MODELOS MISTOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES

FERNANDO HENRIQUE DE BARROS WALTER

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2021

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

W231 Walter, Fernando Henrique de Barros.

Seleção de famílias de irmãos-completos de goiabeira via modelos mistos e marcadores microssatélites / Fernando Henrique de Barros Walter. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

84 f. : il.

Bibliografia: 47 - 59.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. *Psidium guajava*. 2. Marcadores SSR. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA
VIA MODELOS MISTOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES

FERNANDO HENRIQUE DE BARROS WALTER

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 25 de fevereiro de 2021.

Comissão Examinadora:



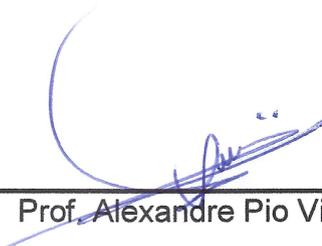
Prof. Carlos Eduardo Magalhães dos Santos (D.Sc., Genética e Melhoramento)
UFV



Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



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



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

“A mente que se abre a uma nova ideia,
jamais voltará ao seu tamanho original.”

Albert Einstein

DEDICATÓRIA

A Deus, por me abençoar muito mais do que mereço.

À minha mãe e minhas irmãs, por serem o motivacional do meu crescimento.

A todos os meus familiares e amigos por me deixarem fazer parte de suas vidas.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre comigo, por me dar sabedoria e discernimento nos momentos difíceis;

À minha mãe Simoni, por me apoiar em todas as minhas escolhas e ter total confiança na minha capacidade de realizar qualquer sonho;

À minha irmã e madrinha Hortencinha, por sempre estar ao meu lado e ajudar em tudo que pode;

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

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de mestrado;

Ao professor Alexandre Pio Viana pela orientação, paciência e ensinamentos ao longo do mestrado;

À Dr. Eileen Azevedo Santos, pela motivação, ensinamentos e sugestões para aperfeiçoar o trabalho. Jamais me esquecerei de toda a ajuda, pessoa muito especial;

À professora Helaine, por todo conhecimento transmitido e exemplo de conduta profissional;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelos conhecimentos compartilhados durante o mestrado;

À técnica Marcela, pelo auxílio nas atividades do laboratório e entusiasmo com a pesquisa científica;

Ao secretário José Daniel, por ser sempre solícito e competente;

Aos funcionários e bolsistas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, José Manoel, Durval e Marcelo, que colaboraram com conhecimento técnico e apoio na condução do experimento;

À Julie Anne, aluna de iniciação científica, que ajudou nas atividades de laboratório;

Aos colegas de laboratório que ajudaram nos trabalhos, Débora, Eileen, Flávia, Joameson, José Daniel, Julie, Letícia, Lucas, Mariana, Moisés, Natan, Ravena e Rodrigo;

Aos colegas pelo momento de estudo e diversão, Adriellen, Alex, Cleo, Daniel, Débora, Kevelin, Nei e Uelinton.

Aos amigos Antônio, Bruna, Felipe, Henrique, José Daniel, Kevin, Lucas, Pablo, Tiago, Tici e Vinicius. Com tantos prazos e estudos do mestrado, momentos de descontração são de grande importância;

À amiga Vivave, por toda ajuda prestada ao longo do experimento e momentos de reflexão;

E a todos, que mesmo não citados, contribuíram e apoiaram minha formação acadêmica.

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

SUMÁRIO

RESUMO	VII
ABSTRACT	IX
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. GERAL	4
2.2. ESPECÍFICOS.....	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS E GANHOS GENÉTICOS PELO MÉTODO REML/BLUP	5
3.1.1. INTRODUÇÃO.....	5
3.1.2. REVISÃO.....	6
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1.5. CONCLUSÃO	26
3.2. MONITORAMENTO DA VARIABILIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA DA POPULAÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA	28
3.2.1. INTRODUÇÃO.....	28
3.2.2. REVISÃO.....	29
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS	31
3.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
3.2.3. CONCLUSÃO	46
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47
ANEXO	60

RESUMO

WALTER, Fernando Henrique de Barros; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2021; SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA VIA MODELOS MISTOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof^a. Helaine Christine Cancela Ramos, Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

No Estado do Rio de Janeiro, a produção da goiabeira é promissora, entretanto, um grande entrave que os produtores enfrentam é o fato de não ter nenhuma cultivar de goiabeira desenvolvida para a região. O presente estudo teve por objetivos estimar parâmetros genéticos, a estrutura genética e a variabilidade genética por meio de características morfoagronômicas e moleculares, a fim de, futuramente, desenvolver novas cultivares para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. O experimento foi implantado em blocos casualizados com três repetições, composto por onze famílias de irmãos-completos. Foram estimados os componentes da variância e o valor genético para oito características morfoagronômicas via procedimento REML/BLUP. Posteriormente, foram obtidos a matriz de distância genética pela distância euclidiana média e o agrupamento pelo método hierárquico UPGMA. Para a realização da etapa com marcadores microssatélites foram selecionados 94 genótipos nas etapas anteriores do programa de melhoramento e as cultivares Paluma, Pedro Sato e Cortibel 1. Para a caracterização molecular, foram utilizados 48 pares de iniciadores microssatélites. Com essas informações, foram estimados os parâmetros de

diversidade genética, a distância genética, o agrupamento dos genótipos e a estrutura genética da população. Valores significativamente maiores foram observados para herdabilidade da média das progênes quando comparado a herdabilidade individual no sentido restrito, o que sugere que as informações de progênes de irmãos-completos possuem maior efetividade para seleção. Com base na acurácia experimental, as características avaliadas que apresentaram alto valor foram peso médio de fruto, comprimento de fruto, diâmetro transversal de fruto, espessura de casca, massa fresca de placenta e peso de polpa. As progênes 2, 5, 7 e 10 tiveram destaque em quase todas as características quanto ao ganho genético. Com os dados das características morfoagronômicas foi possível visualizar a formação de três grupos, sendo o grupo 1 formado por 102 genótipos, o grupo 2 por 18 genótipos e o grupo 3 por 2 genótipos. O uso de informações moleculares mostrou haver variabilidade genética entre os genótipos das famílias de irmãos-completos e as cultivares. O número médio de alelos por loco foi 2,542. Os valores de heterozigosidade esperada variaram de 0,030 a 0,599, apresentando média de 0,401. A heterozigosidade observada variou de 0,010 a 0,577 com média de 0,293. O valor médio da heterozigosidade esperada foi maior que a observada, indicando moderado número de indivíduos na população. Com base no agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, foi constatada a formação de quatro grupos, sendo indicado cruzamentos de indivíduos do grupo 1 e 2. A análise bayesiana permitiu a distinção dos genótipos em apenas dois grupos, devido os indivíduos compartilharem a maioria das regiões genômicas analisadas. O intuito deste trabalho foi selecionar genótipos produtivos e com frutos de boa qualidade, mas como não foi possível reunir essas características em um genótipo, optou-se por selecionar indivíduos para futuros cruzamentos que abrangem esses objetivos. As progênes 2, 5, 7 e 10 são indicadas a futuros cruzamentos para dar continuidade ao programa de melhoramento genético da goiabeira.

ABSTRACT

WALTER, Fernando Henrique de Barros; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February of 2021; SELECTION IN FAMILIES OF COMPLETE SIBLINGS OF GUAVA TREE VIA MIXED MODELS AND MICROSATELLITE MARKERS; Prof. Advisor: Alexandre Pio Viana; Counselors: Prof^a. Helaine Christine Cancela Ramos, Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

In the State of Rio de Janeiro, guava production is promising, however, a big obstacle that producers face is the fact that they do not have any guava cultivars developed for the region. The present study aimed to estimate genetic parameters, genetic structure and genetic variability through morpho-agronomic and molecular characteristics, in order, in the future, to develop new cultivars for the North and Northwest Fluminense regions. The experiment was carried out in randomized blocks with three replications, consisting of eleven families of complete siblings. The components of variance and genetic value were estimated for eight morpho-agronomic traits via the REML / BLUP procedure. Subsequently, the genetic distance matrix was obtained by the average Euclidean distance and the grouping by the UPGMA hierarchical method. For the stage with microsatellite markers, 94 genotypes were selected in the previous stages of the breeding program and the cultivars Paluma, Pedro Sato and Cortibel 1. For the molecular characterization, 48 pairs of microsatellite primers were used. With this information, the parameters of genetic diversity, genetic distance, the grouping of genotypes and the genetic structure of the population were estimated. Significantly

higher values were observed for the heritability of the average of the progenies when compared to the individual heritability in the strict sense, which suggests that the information of progenies of complete siblings has greater effectiveness for selection. Based on experimental accuracy, the evaluated characteristics that showed high value were average fruit weight, fruit length, transverse fruit diameter, peel thickness, fresh placenta mass and pulp weight. Progenies 2, 5, 7 and 10 had prominence in almost all characteristics regarding genetic gain. With the data of the morpho-agronomic characteristics, it was possible to visualize the formation of three groups, being group 1 formed by 102 genotypes, group 2 by 18 genotypes and group 3 by 2 genotypes. The use of molecular information has shown that there is genetic variability between the genotypes of the complete sibling families and the cultivars. The average number of alleles per locus was 2.542. The expected heterozygosity values ranged from 0.030 to 0.599, with an average of 0.401. The observed heterozygosity ranged from 0.010 to 0.577 with an average of 0.293. The average value of the expected heterozygosity was higher than that observed, indicating a moderate number of individuals in the population. Based on the grouping by the UPGMA hierarchical method, the formation of four groups was found, with crosses of individuals from group 1 and 2 being indicated. Bayesian analysis allowed the distinction of genotypes in only two groups, due to the individuals sharing most of the genomic regions analyzed. The aim of this work was to select productive genotypes with good quality fruits, but as it was not possible to combine these characteristics into one genotype, it was decided to select individuals for future crosses that cover these objectives. Progenies 2, 5, 7 and 10 are indicated for future crosses to continue the breeding program for guava.

1. INTRODUÇÃO

A goiabeira, *Psidium guajava* L., pertencente à família Myrtaceae, que contém mais de 70 gêneros e 2.800 espécies. Sua origem abrange regiões tropicais americanas, desde o México até territórios da América do Sul, e é cultivada por muitos outros países de clima tropical e subtropical, permitindo assim a produção em todo o mundo (Salazar et al., 2006; Oliveira et al., 2012).

No cenário mundial, a goiaba é uma das frutas que coloca o Brasil em uma posição entre os maiores produtores de fruta no mundo. O Brasil lidera a produção internacional de goiaba de polpa vermelha, entretanto, a mais consumida no mundo é a goiaba de polpa branca, a qual nosso país produz pouco (Ribeiro, 2018). Os dados de produção mundial de goiaba estão agrupados com a cultura da manga e do mangostão, e colocam o Brasil em sétima posição, atrás da Índia, Indonésia, China, México, Paquistão e Malawi (Faostat, 2019). O fruto é produzido em todo o território nacional, sendo 70% da área constituída pela cultivar Paluma devido ao enraizamento de suas estacas serem mais eficientes se comparada às outras cultivares, além de possuir alto vigor e alta apreciação pelo mercado consumidor (Pereira e Kavati 2011).

No ano de 2019, o Brasil obteve uma produção de frutos de 584.223 toneladas e área plantada de 22.269 hectares (IBGE, 2019), mostrando um aumento se comparado aos anos anteriores. No Estado do Rio de Janeiro, a produção da goiabeira é promissora, devido aos solos propícios para o cultivo de culturas tropicais, condições favoráveis para a prática de irrigação, proximidade

com os mercados consumidores e possuir instalações portuárias que permitiria a exportação da fruta (Gomes Filho et al., 2010).

Entretanto, um grande entrave que os produtores do Estado do Rio de Janeiro enfrenta é o fato de não ter nenhuma cultivar de goiabeira desenvolvida para a região fluminense, com a existência de apenas 17 cultivares registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) sendo as principais a Paluma, Pedro Sato, Rica, Século XXI e variações da Cortibel (Flori, 2016).

Diante disso, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um programa de melhoramento genético cuja finalidade é selecionar genótipos promissores visando lançar cultivares altamente produtivas e resistentes a pragas e doenças para a região Norte e Noroeste Fluminense (Pessanha et al., 2011; Campos et al., 2013; Oliveira et al., 2014; Campos et al., 2016; Quintal et al., 2017a, b; Gomes et al., 2017; Silva et al., 2020; Santos et al., 2020; Souza et al., 2020; Ambrosio et al., 2021; Silva et al., 2021). Com o decorrer do tempo, a seleção de genótipos promissores via populações segregantes mostrou-se uma eficiente estratégia para seleção de genótipos superiores.

O uso de estratégias de seleção que possam agregar ganhos genéticos em um conjunto de características relevantes a produção e qualidade de frutos são de extrema importância para selecionar genótipos superiores, principalmente quando se trata de variáveis quantitativas (Cruz et al., 2012).

Dentre as metodologias que podem ser utilizadas para estimar os componentes da variância, destaca-se o REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada) possibilitando seleção de genótipos superiores com maior precisão (Viana e Resende, 2014; Ribeiro et al., 2019). Os modelos mistos vêm sendo aplicados em programas de melhoramento genético da goiabeira e demonstram bons resultados quando analisados os ganhos genéticos (Perez Pelea et al., 2019; Silva, et al., 2020; Ambrósio et al., 2021).

Outro aspecto importante é conhecer a variabilidade genética dos genótipos em estudo para assegurar que programas de melhoramento genético tenham sucesso a longo prazo. Para estimar e interpretar a divergência genética são utilizados os marcadores moleculares, ferramenta que auxilia os programas de melhoramento, que possibilita reduzir o tempo de condução do experimento em campo. O uso desses marcadores já são empregados em trabalhos envolvendo a

goiabeira para transferibilidade de marcadores (Rai, et al., 2013), diversidade genética (Nogueira, et al., 2014), caracterização morfo-genética realizada quanto a variabilidade genética (Kareem et al., 2018) e estruturação genética de populações (Santos et al., 2020).

Esse estudo foi realizado em decorrência da necessidade de se avançar nas pesquisas com famílias de irmãos-completos de goiabeira, para futuramente desenvolver cultivares recomendadas para a região Norte e Noroeste Fluminense. Assim, o trabalho foi organizado em dois capítulos, que abordam a estimação de parâmetros e ganhos genéticos pelo método REML/BLUP (Capítulo 1); e, monitoramento da variabilidade genética e investigação da estrutura populacional de famílias de irmãos-completos a partir do uso de marcadores microssatélites (Capítulo 2).

2. OBJETIVOS

2.1. Geral

Avaliar famílias de irmãos-completos em goiabeira via modelos mistos e monitorar a variabilidade genética via marcadores microsatélites, a fim de, futuramente, desenvolver novas cultivares para as regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2.2. Específicos

- I. Avaliar todos os indivíduos em relação às características produtivas e físico-químicas;
- II. Estimar parâmetros genéticos e obter predições de valores genotípicos via metodologia REML/BLUP para seleção de indivíduos mais produtivos;
- III. Estimar a divergência genética dos genótipos por meio de informações morfoagronômicas; e
- IV. Estimar a variabilidade genética e a estrutura genética de famílias de irmãos-completos utilizando marcadores microsatélites.

3. CAPÍTULOS

3.1. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS E GANHOS GENÉTICOS PELO MÉTODO REML/BLUP

3.1.1. INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma frutífera encontrada em regiões de clima tropical e subtropical, sendo rústica e de fácil adaptação a diferentes condições edafoclimáticas (Malta et al., 2018). No Brasil, encontra-se distribuída naturalmente em todo território (Oliveira et al., 2015). O lançamento de novas cultivares adaptadas a diferentes regiões com potencial para produzir frutos de boa qualidade tem grande influência no aumento da área cultivada e na consolidação do cultivo no país.

No decorrer do processo de seleção de plantas, é importante obter estimativas mais precisas da superioridade genética dos indivíduos, o que permitirá selecionar aqueles genótipos que apresentam as características de interesse do melhorista e que, por sua vez, podem ser transmitidos aos descendentes (Pelea et al., 2021). São múltiplas as maneiras que o melhorista dispõe para utilizar os procedimentos biométricos na predição de parâmetros para auxiliar na tomada de decisão nos programas. Em espécies perenes, como é o

caso da goiabeira, o procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e seleção de genótipos é o REML/BLUP (Petek et al., 2008).

A metodologia de modelos mistos permite analisar dados corretos de experimentos com medidas repetidas, com base na modelagem da estrutura de covariância, que considera as correlações entre as medidas e a presença de variâncias heterogêneas (Bandera e Pérez, 2018). Além disso, esta abordagem permite estimar os componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML) e prever os valores genotípicos por meio da melhor predição linear não enviesada (BLUP) (Viana e Resende, 2014).

Esta metodologia tem sido utilizada para a seleção de genótipo elite em diversas outras frutíferas, como o maracujá (Ferreira Junior et al., 2020), mamão (Cortes et al., 2019) e uva (Santos et al., 2018). Na cultura da goiabeira, Souza et al. (2020) utilizaram os modelos mistos para estimar os parâmetros genéticos em progênie de irmãos-completos de goiaba, a fim de selecionar os melhores indivíduos dentro das famílias, realizar uma análise comparativa entre os indivíduos selecionados e seus pais, e verificar divergência genética baseada em todas as características morfoagronômicas para prever possíveis cruzamentos futuros, onde o procedimento estatístico foi eficaz.

Diante do exposto, este trabalho visa o melhoramento da goiabeira com o objetivo de selecionar genótipos superiores em famílias de irmãos-completos de *Psidium guajava* L. por meio da metodologia REML/BLUP e estimar a distância genética entre os genótipos de famílias de irmãos-completos, utilizando informações morfoagronômicas.

3.1.2. REVISÃO

3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura da goiabeira

A família Myrtaceae é considerada mundialmente uma das maiores famílias botânicas (Franzon et al., 2009), abrangendo 130 gêneros e mais de 3600 espécies (Govaerts et al., 2012), que apresenta centros de dispersão na Austrália,

Sudeste Asiático, América Tropical e Temperada, além de uma pequena representação na África (Thornhill et al., 2015).

Dentre os gêneros, o *Psidium* possui 183 espécies (Sobral et al., 2013) o qual aloca a espécie de estudo e de maior valor econômico, *Psidium guajava* L., com alta aceitação no mercado tanto no consumo *in natura* como na forma processada, devido as suas propriedades nutritivas, sensoriais e biofuncionais (Haida et al., 2015). É considerada pelos nutricionistas como um dos frutos mais completos e equilibrados em nutrientes, pois tem em sua composição teores elevados de vitamina C, açúcares, sais minerais e fibras (Serrano et al., 2007).

A goiabeira se caracteriza por apresentar folhas simples e opostas com venação broquidódroma. O cálice pode variar entre cupuliforme, caliptrato e raramente apendiculado; enquanto as flores são axilares ou em pequenos ráceros e pentâmeras, com botões variando entre 4 a 15 mm. As pétalas são livres e alternadas de cor creme ou branca, com estames variando de 60 até 320, arranjados de 3 a 12 verticilos e o ovário é ínfero com 2 a 5 lóculos, com placentação intrusiva. Os frutos possuem desenvolvimento com muitas sementes, com embrião coclear com cotilédones apicais e testa óssea (Soares-Silva e Proença, 2008). No que diz respeito ao genoma, a espécie é diploide ($2n = 2x = 22$) e possui o conteúdo de DNA estimado de 465 Mb por citometria de fluxo (Marques et al., 2016).

Quanto ao ciclo de vida, a goiabeira é uma espécie perene do tipo arbórea de pequeno a médio porte, que pode chegar a 5 metros de altura por até 6 metros de largura de copa. As folhas têm sua coloração verde claro a escuro, coreáceas e semicaducifólias. Inicialmente tem haste herbácea, passa para semi-herbácea e quando adulta, tem seu tronco lenhoso (Pommer et al., 2009).

Os frutos produzidos são de maioria por polinização cruzada, com uma pequena taxa de autofecundação (Alves et al., 2007). O formato do fruto é do tipo baga, podendo variar entre globulosa, periforme, ovalada-globosa, ovóide e arredondada com dimensões de 4 a 12 cm de comprimento e de 5 a 8 cm de largura. A casca do fruto pode variar de 1 mm a 5 mm. O peso dos frutos é muito variável, sendo encontrados frutos de 40 a 400 gramas. A coloração da polpa varia entre branca, amarela e vermelha (Pommer et al., 2009).

O Brasil possui condições ideais para a produção desses frutos, sendo estes cultivados em grande parte do território brasileiro. Os estados com maiores

produções são: Pernambuco, São Paulo, Bahia, Paraná e em quinto lugar Rio de Janeiro. Quando se trata de produtividade, o estado do Rio de Janeiro tem muito a avançar, pois sua produtividade é de aproximadamente 28.000 kg/ha, enquanto Pernambuco lidera esta variável com aproximadamente 37.000 kg/ha (IBGE, 2019), e isto é basicamente devido a quatro fatores: disponibilidade de água para irrigação do Vale do São Francisco, temperatura elevada da região, umidade baixa, fator que não favorece o surgimento de problemas fitossanitários; e, cultivares que estão adaptadas à região nordestina.

Nesse sentido, há necessidade de programas de melhoramento genético dessa cultura para que possam selecionar genótipos mais produtivos e com melhor uniformidade quanto ao tamanho dos frutos, forma, espessura da casca, maior rendimento de polpa, coloração e maior grau de perecibilidade para aceitação do mercado *in natura* e industrial. Além de desenvolver cultivares adaptadas as condições climáticas e aos solos da região Norte e Noroeste Fluminense.

3.1.2.2. Melhoramento genético da goiabeira

Na metade do século XX foram iniciados os primeiros trabalhos científicos de melhoramento da goiabeira, onde se concentravam em alguns países, como Estados Unidos, Índia, Egito e Porto Rico (Pereira e Nachtigal, 2003).

No Brasil, os primeiros trabalhos desenvolvidos com as principais variedades de frutos destinados a consumo *in natura* foram com instituições de pesquisa associadas a produtores japoneses que residiam no estado de São Paulo. Esses trabalhos propiciaram o surgimento de cultivares importantes como Ogawa, Kumagai, Pedro Sato e Sassaoka (Pereira e Nachtigal, 2003).

É de grande importância que programas de melhoramento atuem na seleção de caracteres superiores em genótipos promissores, visando aumentar a oferta de novas cultivares. A Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária/ Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP), por meio do programa de melhoramento genético da goiabeira, desenvolveram a cultivar mais difundida no país, a Paluma. Também foram responsáveis pelo lançamento das cultivares Rica e Século XXI, as quais possuem possibilidades de cultivo comercial de dupla finalidade (Pereira et al., 2003). A cultivar Pedro Sato foi selecionada a partir de pés-francos, provavelmente originários de “Ogawa N°1 Vermelha”, no Rio de

Janeiro, com plantas vigorosas, de crescimento vertical e razoavelmente produtivas. A cultivar Cortibel vem ganhando espaço nos pomares dos produtores, onde foi desenvolvida em parceria de trabalhos da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) com a empresa Frucafé, originada pela seleção em pomar de polinização aberta de origem seminal de genótipos produtivos (Coser et al.,2014), com oito variações da cultivar registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC).

Dessa maneira, os programas de melhoramento genético da goiabeira buscam cultivares com ampla adaptação as condições ambientais que uma região pode oferecer; aumento da produtividade e qualidade dos frutos; resistência a pragas e doenças; aumento do tempo de prateleira do fruto; e, resistência mecânica ao transporte dos frutos. De acordo com as exigências do mercado alvo, cabe ao melhorista traçar qual a melhor estratégia para obtenção dos seus objetivos (Gomes Filho et al., 2010).

As instituições de pesquisa realizam diversos trabalhos no intuito de lançar cultivares promissoras ao mercado consumidor, e, atualmente, encontram-se trabalhos científicos relacionados ao melhoramento genético feitos pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Esalq, Instituto Agrônômico de Campinas – IAC, Universidade Federal do Espírito Santo – UFES e Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

3.1.2.3. Melhoramento genético da goiabeira da UENF

Há aproximadamente 13 anos, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro iniciou um programa de melhoramento genético da goiabeira no município de Campos dos Goytacazes, RJ, considerando o elevado potencial do fruto na região Norte e Noroeste Fluminense e a baixa disponibilidade de cultivares no mercado consumidor, a fim de atender as necessidades dos produtores rurais.

Inicialmente, Pessanha et al. (2011) coletaram 20 acessos de *Psidium guajava* L. em pomares das cidades de São João da Barra-RJ e São Francisco de Itabapoana-RJ. Com esses acessos, foram desenvolvidos trabalhos de diversidade via marcadores RAPD e citogenética no intuito de selecionar genótipos superiores. Com estas análises, foram selecionados 7 genótipos mais

contrastantes para realização de cruzamentos dirigidos, que deram origem a 17 famílias segregantes.

Campos et al. (2013), quantificaram a divergência genética entre 138 acessos de goiabeira do banco de germoplasma da UENF, com base em 13 descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos, por meio do procedimento Ward – *Modifies Location Model* (MLM). Foi detectada ampla variabilidade pelos descritores e foram formados oito grupos. O grupo III foi o mais distante e os grupos I, II, IV, V e VI os mais próximos. Com isso, constataram que o procedimento Ward-MLM é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar os acessos utilizando, simultaneamente, variáveis qualitativas e quantitativas. Os 138 acessos também foram analisados pela aplicação da técnica de Redes Neurais Artificiais, tendo sido detectada alta variabilidade, feito posteriormente, o cruzamento entre os mais promissores (Campos et al., 2016). Quintal et al. (2017b), por sua vez, analisaram as 17 famílias obtidas por Pessanha et al. (2011) pelo procedimento REML/BLUP, tendo sido identificadas 10 famílias com elevados valores genotípicos.

Na sequência, Oliveira et al. (2014) avaliaram a distância genética entre as 10 famílias e 27 acessos de araçás (*Psidium* spp.) do banco de germoplasma da UENF e pelo método de agrupamento UPGMA, houve a formação de cinco principais grupos. Os acessos de araçás mais próximos da goiabeira indicaram potenciais para cruzamento interespecífico com o propósito de desenvolver genótipos resistentes ao fitonematoide *Meloidogyne enterolobii*, que, associado ao fungo *Fusarium solani*, causa a doença declínio da goiabeira.

Paiva et al. (2016) investigaram a variabilidade genética em progênies de irmãos-completos de goiaba e estimaram o progresso genético obtido a partir de diferentes critérios de seleção para selecionar os genótipos mais promissores, utilizando a seleção direta e indireta, o índice de seleção e os modelos mistos.

Silva et al. (2020) avaliaram os parâmetros genéticos das 17 famílias obtidas por Pessanha et al. (2011) e compararam a abordagem bayesiana com a metodologia frequentista. Constataram que a inferência bayesiana forneceu o melhor ajuste do modelo para o conjunto de dados analisados, o que permitiu a seleção das melhores famílias para dar continuidade ao programa e dos melhores indivíduos para testar o valor da safra de acordo com as expectativas.

Pelo fato da cultura da goiabeira ter sistema reprodutivo misto, foram obtidas duas novas populações, ambas com origem da população obtida por Pessanha et al. (2011). A primeira população conta com 18 famílias endogâmicas que foram conduzidas por Ambrosio et al. (2020), na qual utilizaram o procedimento estatístico REML/BLUP para estimar os parâmetros genéticos e índices de seleção via modelos mistos. O índice multiplicativo apresentou o maior ganho de seleção em relação ao índice aditivo, mostrando-se eficaz na identificação das famílias com qualidade e produção superiores simultaneamente.

Na segunda população, Souza et al. (2020) avaliaram 11 famílias de irmãos-completos. Parâmetros genéticos foram estimados pelo procedimento dos modelos mistos, além da divergência genética estimada com base na distância euclidiana média entre os indivíduos selecionados via BLUP. A média da maioria dos genótipos selecionados superou a média dos pais, confirmando que a estratégia de obtenção de famílias de irmãos-completos foi eficaz em gerar ganhos no processo de melhoramento da goiaba.

Em continuação ao programa de melhoramento genético da goiaba, no presente trabalho foi realizada a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em 11 famílias de *Psidium guajava* L. por meio da metodologia de modelos mistos. Além disso, realizou-se o monitoramento da variabilidade genética e estruturação de 94 genótipos selecionados com base na produção vista em safras anteriores, e três cultivares (Paluma, Pedro Sato e Cortibel). Um organograma foi construído para melhor visualização do melhoramento realizado nas populações que deram origem às famílias avaliadas neste experimento (Figura 1).

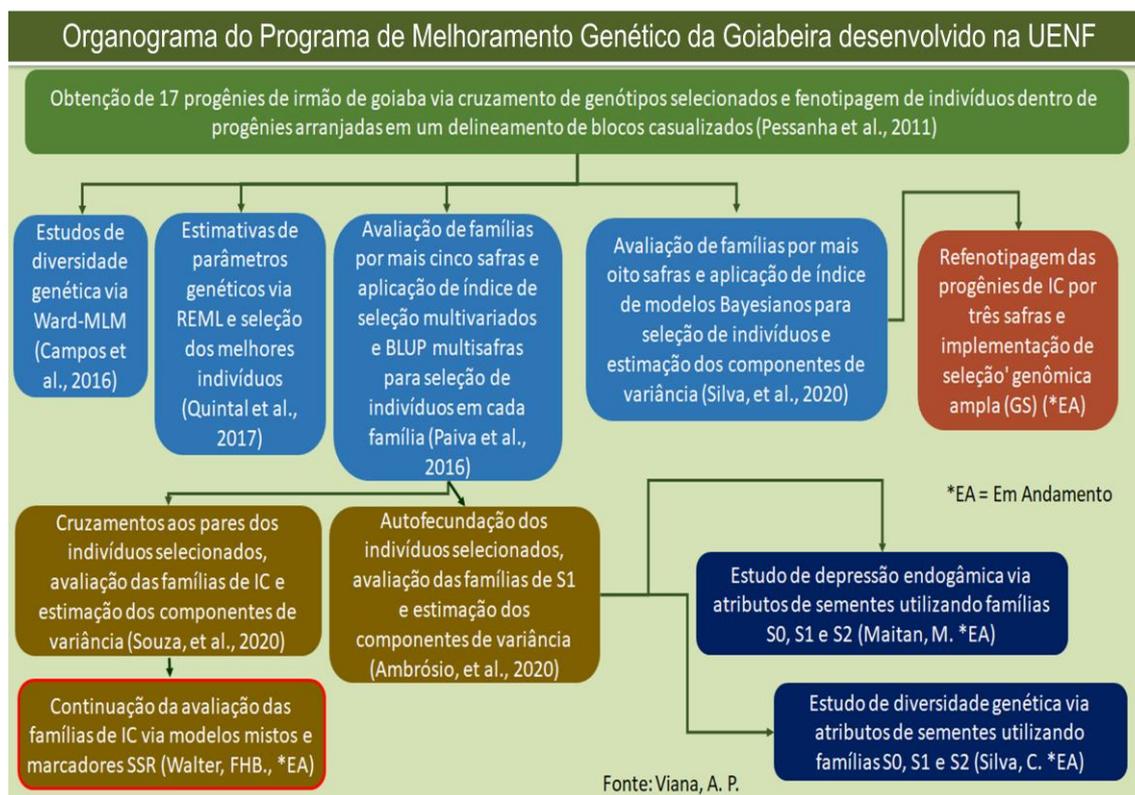


Figura 1. Organograma do histórico do programa de melhoramento genético da goiabeira. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

3.1.2.4. Metodologia de modelos mistos no melhoramento genético de frutíferas

Nos programas de melhoramento genético é de grande importância o uso de metodologias específicas que possam permitir a predição de valores genéticos aditivos, genéticos de dominância e genotípicos dos indivíduos a serem selecionados, fornecendo uma seleção mais acurada, o que permite uma maximização dos ganhos genéticos (Laviola et al., 2010).

A adoção de métodos precisos de seleção, além da variabilidade genética, é muito importante (Resende et al., 2000). Henderson (1973) desenvolveu o método estatístico dos modelos mistos para ser utilizado no melhoramento genético animal e logo foi adequado ao uso em plantas. Estes modelos são usados para descrever um conjunto de dados experimentais que possuem tratamentos envolvendo fatores fixos (além da média) e aleatórios (além do erro experimental). Desta forma, é possível obter estimativas de efeitos fixos e realizar a predição de efeitos aleatórios. A metodologia REML/BLUP gera estimativas não

viesadas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e a predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização dos ganhos genéticos (Viana e Rezende, 2014).

A avaliação genética baseada em modelos mistos tem recebido atenção especial dos pesquisadores devido ao potencial de progresso genético excepcional e grande precisão no processo de seleção (Silva et al., 2017). As principais vantagens práticas desta metodologia são: possibilidade de comparar indivíduos ou variedades ao longo do tempo e espaço; possibilidade e correção simultânea dos efeitos ambientais; e, consegue ser aplicável em dados desbalanceados.

A metodologia REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético vegetal de várias culturas. Silva et al. (2017) compararam quatro índices de seleção e a metodologia REML/BLUP em avaliação de ganhos genéticos previstos nas características de interesse em 81 progênies de irmãos-completos de *Passiflora edulis* Sims derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente.

Carias et al. (2016) avaliaram 8 progênies de meios-irmãos de café Conilon (*Coffea canephora*), de ciclo de maturação precoce e com duas safras. Observaram os ganhos genéticos preditos por meio de diferentes índices de seleção (aditivo, multiplicativo e Mulamba e Mock) pela metodologia REML/BLUP, em cinco caracteres de interesse ao programa de melhoramento do café conilon do Incaper. O índice Mulamba e Mock foi o que mostrou maior eficiência de seleção entre famílias de meios-irmãos de café conilon.

Ribeiro et al. (2019) avaliaram 6 populações de cruzamentos interespecíficos de *Psidium* spp. para resistência ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas usando a abordagem REML/BLUP, a qual se mostrou uma estratégia de seleção eficiente para dar continuidade ao programa de melhoramento da goiaba da UENF.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Local, delineamento e população avaliada

O experimento foi conduzido no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes - RJ, (21° 45' latitude Sul, 41° 20' longitude Oeste e altitude de 11 m). O clima do local é caracterizado como tropical subúmido e seco, com temperatura média anual variando entre 22 a 25 °C e precipitação média anual entre 1200 e 1300 mm. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados (desbalanceado), com 11 famílias de irmãos-completos, três repetições e 8 plantas por parcela, com o total de 247 plantas (Apenas 122 plantas obtiveram média igual ou maior de 5 frutos/planta para estimação de parâmetros genéticos).

O programa de melhoramento genético da goiabeira da UENF teve seu início a partir de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011) com um pré-melhoramento de 20 acessos de *Psidium guajava* L. de um pomar de polinização aberta, nos municípios de Bom Jesus do Itabapoana e São João da Barra – RJ. Com esses acessos, foram desenvolvidos trabalhos de diversidade com marcadores RAPD e citogenética, no intuito de selecionar genótipos superiores para posterior cruzamento, os quais geraram 17 famílias avaliadas por Quintal et al. (2017), que, por sua vez, avaliaram características qualitativas e quantitativas. As progênieis mais produtivas foram selecionadas e cruzadas para dar origem às 11 famílias de irmãos-completos deste experimento (Tabela 1).

Tabela 1. Origem das 11 famílias de irmãos-completos de *Psidium guajava* L. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Família	Genitor (♀)	Genitor (♂)
1	8.4 II	5.4 II
2	10.5 I	12.4 II
3	12.11 II	8.4 I
4	4.5	2.6
5	12.11 I	8.4 I
6	12.4	12.11
7	12.11 II	12.4 II
8	12.11 II	3.11 II
9	12.11	7.9
10	8.1 II	12.4 II
11	12.4 II	12.11 II

3.1.3.2. Características avaliadas

As características avaliadas foram:

- a) Produção total (PT) – no período da colheita foram colhidos todos os frutos viáveis de cada indivíduo e obtido o peso de cada fruto com o auxílio de uma balança semi-analítica e expressa em g;
- b) Número de frutos por plantas (NF) – a contagem foi realizada em cada indivíduo durante a colheita;
- c) Peso médio de frutos (PF) – foi obtido pela média do peso dos frutos de cada genótipo, com o auxílio de uma balança semi-analítica e expressa em g;
- d) Comprimento do fruto (CF) – foi mensurada a região longitudinal de 5 frutos com o auxílio de um paquímetro e expresso em mm;
- e) Diâmetro transversal do fruto (DF) – em uma amostra de 5 frutos foi determinado o comprimento da região equatorial dos frutos com o uso de um paquímetro e expresso em mm;
- f) Massa fresca de placenta (MP) – consiste na região do mesocarpo e foi determinado em uma amostra de 5 frutos com o auxílio de balança semi-analítica e seu valor é expresso em g;
- g) Peso da polpa (PP) – consiste na região onde se concentra as sementes, sendo a diferença entre PF e MP;
- h) Espessura da casca (EC) – região que compreende a casca e foi medido com o auxílio do paquímetro expresso em mm;
- i) Espessura do mesocarpo (EM) – região que compreende da casca do fruto até o início da polpa, foi medido com o auxílio do paquímetro expresso em mm;
- j) Espessura do endocarpo (EE) – região onde se concentra as sementes e foi medido transversalmente ao meio do fruto com auxílio do paquímetro expresso em mm; e
- k) Teor de sólidos solúveis (TSS) - foi determinado com auxílio de um refratômetro manual, sendo os resultados expressos em °Brix.

3.1.3.2. Análise estatística dos dados morfoagronômicos

Com as informações das características agronômicas, foi obtida uma matriz numérica com base na distância euclidiana média, utilizando o programa Genes (Cruz, 2013). A análise de agrupamento dos indivíduos via dendrograma foi feita

pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Average*), com auxílio do programa Mega.

Os parâmetros e valores genéticos foram estimados com o *software* Selegen – REML/BLUP (Resende, 2007), e foram obtidos 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). A predição dos valores genéticos seguiu o modelo estatístico 147 (Blocos ao acaso, progênes de irmãos germanos, várias plantas por parcela):

$$Y = Xr + Zg + Wp + e, \text{ em que:}$$

Y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos da parcela, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os efeitos mencionados.

Com isso, foi possível estimar os seguintes parâmetros genéticos:

σ^2_g : variância genotípica entre progênes de irmãos germanos;

σ^2_f : variância fenotípica individual;

σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

σ^2_{dentro} : variância residual dentro de parcela;

$\hat{h}^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito;

$c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas;

$\hat{h}^2_{\text{mp}} = h^2_{\text{mp}}$: herdabilidade da média de progênes; e

Acprog: acurácia da seleção de progênes.

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados demonstraram a existência de diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 10% de probabilidade para as seguintes características: peso médio do fruto (PF), comprimento do fruto (CF), diâmetro transversal do fruto (DF), massa fresca de placenta (MP), peso de polpa (PP) e espessura da casca (EC). Além destas, as características produção total (PT) e número de

frutos por planta (NF) também compuseram para parâmetros genéticos, ordenação dos genótipos via BLUP e diversidade genética via características morfoagronômicas por serem consideradas de grande importância para a cultura.

3.1.4.1. Parâmetros genéticos via REML

As variáveis que apresentaram elevada variância genotípica foram PF (526,48), MP (446,15) e PT (6452,78) (Tabela 2), sugerindo que é possível selecionar progênies com frutos de boa qualidade e com alta produção. Isto está relacionado com a composição da população segregante avaliada, visto que os progenitores apresentavam elevada variabilidade genética, a qual foi comprovada via marcadores RAPD por Pessanha et al. (2011). As demais variabilidades genéticas apresentadas obtiveram baixos valores, o que pode ser atribuído ao alto grau de parentesco entre as progênies dentro de cada tratamento. O conhecimento da variância genotípica é fundamental em programas de melhoramento, pois indica a amplitude da variação genética de uma característica, tendo em vista a possibilidade de melhoramento (Cruz et al., 2012).

Também foram observados que as variáveis PF, MP e PT apresentaram alta σ^2_{parc} , σ^2_{dentro} e σ^2_f . Altos valores de variância fenotípica são esperados em populações segregantes, cujas características de herança quantitativa apresentam distribuição fenotípica contínua (Gomes et al., 2017). Para todas as características, a contribuição da variação dentro da parcela foi superior à variância ambiental entre parcelas, exceto para PT. Resultados parecidos foram observados por Quintal et al. (2017), onde todas as características avaliadas mostraram ter maior σ^2_{dentro} quando comparada a σ^2_{parc} . Isto evidencia que o erro é mais acentuado dentro do que entre parcelas.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito variaram de 0,01 a 0,50. Os maiores valores foram obtidos para comprimento de fruto e espessura da casca (0,50 para ambos). Valores significativamente maiores foram observados para herdabilidade com base na média das progênies. As estimativas mais altas para h^2_{mp} foram para comprimento do fruto, espessura da casca e peso da polpa (0,94; 0,99 e 0,95, respectivamente). Nessas condições, as informações de progênies de irmãos-completos possuem maior efetividade para seleção.

Segundo Sturion e Resende (2010), os valores do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela observados em bons experimentos com

plantas perenes estão em torno de 0,10 (onde a herdabilidade estimada é em torno de 0,30), ou 10% da variação total em bloco. Assim, para uma herdabilidade individual em torno de 0,30, $c^2 \leq 0,10$ pode ser classificado como baixo e $c^2 > 0,10$ pode ser classificado como alto, permitindo inferir a variabilidade espacial dentro dos blocos. Nesse caso, todos os valores ficaram abaixo de 10%, indicando que a variabilidade espacial dentro do bloco é relativamente pequena. Cruz et al. (2018) avaliaram progênies de feijão-vagem e também observaram valores de c^2 próximos de 0,10, na qual consideraram baixos para as duas variáveis analisadas e indicaram boa acurácia experimental.

Para valores de acurácia, Resende e Duarte (2007) classificam esta estatística como muito alta (Acurácia $\geq 0,90$), alta ($0,70 \leq$ Acurácia $\leq 0,90$), moderada para ($0,50 \leq$ Acurácia $\leq 0,70$) e baixa para (Acurácia $\leq 0,50$). A maioria das características avaliadas apresentaram valores muito altos (PF, CF, DF, EC, MP e PP). Apenas duas características mostraram valores baixos (NF e PT). Por se tratar de uma medida associada à precisão na seleção, a exatidão é o principal elemento do progresso genético que pode ser alterado pelos criadores para maximizar o ganho genético (Viana e Resende, 2014).

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância e coeficientes de determinação para as variáveis NF (número de frutos), PF (peso médio de fruto), CF (comprimento de fruto), DF (diâmetro transversal de fruto), EC (espessura de fruto), MP (massa fresca de placenta), PP (peso de polpa) e PT (produção total) para os genótipos segregantes de goiabeira. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Variáveis	σ^2_g	σ^2_f	σ^2_{parc}	σ^2_{dentro}	h^2	c^2	h^2_{mp}	Acprog
NF	0,58	151,97	11,62	139,77	0,01 \pm 0,03	0,08	0,13	0,35
PF	526,48	3332,54	263	2543,06	0,32 \pm 0,20	0,08	0,85	0,92
CF	23,07	91,63	4,26	64,33	0,50 \pm 0,26	0,05	0,94	0,97
DF	6,65	44,80	2,72	35,43	0,30 \pm 0,20	0,06	0,87	0,93
EC	0,06	0,24	0,01	0,18	0,50 \pm 0,26	0,01	0,99	0,99
MP	446,15	2762,99	240,33	2076,97	0,32 \pm 0,21	0,09	0,84	0,92
PP	23,62	130,46	3,43	103,40	0,36 \pm 0,22	0,03	0,95	0,97
PT	6452,78	6912481,31	225246,54	6680,782	0,01 \pm 0,02	0,03	0,07	0,27

σ^2_g : variância genotípica; σ^2_f : variância fenotípica individual; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{dentro} : variância residual dentro de parcela; h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies; e Acprog: acurácia da seleção de progênies.

3.1.4.2. Seleção e ordenação de indivíduos via BLUP

Para fins de seleção, foram selecionados os 30 melhores genótipos para cada característica analisada separadamente, dentre os 122 avaliados, o que representa 24,6 % dos indivíduos. Os ganhos foram previstos e as novas médias estimadas em relação à média geral da característica (Tabela 3 e 4). A tabela com todos os indivíduos encontra-se no Anexo (Tabelas 1 e 2).

Os ganhos genéticos estimados via BLUP referem-se aos valores observados sem os efeitos ambientais. São equivalentes a média dos valores genéticos previstos para os genótipos selecionados e a nova média refere-se à média geral da característica adicionada ao ganho. Com isso, uma nova média populacional é obtida para essa característica (Santos et al., 2015). Ao comparar a média dos 30 genótipos selecionados com a média geral da população, as maiores estimativas de ganho foram para as características MP (22,30%), PP (21,96%) e PF (19,16%). As características que apresentaram menores variações foram NF (1,47%) e PT (0,32%). Nota-se que as características com maiores ganhos estão atreladas a qualidade do fruto. Da mesma maneira, Sousa et al. (2020) também encontraram alto ganho para peso de polpa e alcançaram o objetivo do trabalho, que foi encontrar genótipos promissores para a característica de qualidade de frutos por seleção dentro de famílias.

A amplitude, ou seja, a diferença entre a nova média mais alta e a mais baixa dos genótipos ranqueados, foi de 0,56%, 14,36%, 8,20%, 2,02%, 4,70%, 13,90%, 16,50% e 0,20% para NF, PF, CF, DF, EC, MP, PP e PT, respectivamente. Quintal et al. (2017) encontraram resultado parecido, com amplitude variando de 0,47% (espessura do mesocarpo) a 20,17% (rendimento total do fruto). A baixa amplitude apresentada por alguns caracteres provavelmente se deve ao estreitamento das médias preditas causado pelo REML/BLUP, que faz com que as diferenças existentes entre os genótipos sejam menores e resultem mais de efeitos genéticos do que ambientais (Resende, 2002).

A progênie 5 se destacou com 43,3% dos indivíduos para PF, 40% para EC, 30% para PP e 46,7% para CF, DF e MP (Tabela 3 e 4). Pode-se inferir que esta família possui um elevado potencial de seleção, dado o interesse dessas características para o mercado de frutas frescas e industriais.

Outra progênie que obteve destaque foi à progênie 10 no ordenamento para PF, CF, DF, MP e PP. Esta família possui o melhor indivíduo ranqueado (genótipo 91), o qual lidera os ganhos para as características PF (34,42%), DF (6,88%), MP (36,19%) e PP (38,45%) (Tabela 3).

Apesar das progênies 2 e 7 apresentarem a maioria dos indivíduos para as características NF e PT, estas foram as famílias com os menores ganhos, além de apresentarem baixa acurácia experimental, por isso, a seleção dessas progênies não é indicada.

Tabela 3. Ordenação com o ganho genético e as novas médias previstas via REML/BLUP, dos 30 melhores indivíduos selecionados da população segregante de goiabeira para as características número de frutos (NF), peso médio de fruto (PF), comprimento de fruto (CF) e diâmetro transversal de fruto (DF). UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Ord.	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
1	1,82	19,49(223/4)	34,42	263,79(91/10)	18,60	92,32(242/10)	6,88	72,73(91/10)
2	1,75	19,48(114/2)	28,86	252,88(193/1)	18,54	92,27(241/10)	6,85	72,71(93/10)
3	1,72	19,47(115/2)	25,55	246,38(16/5)	18,17	91,98(91/10)	6,75	72,64(173/5)
4	1,70	19,47(184/7)	23,63	242,62(123/1)	17,87	91,75(93/10)	6,66	72,59(16/5)
5	1,68	19,46(188/7)	22,38	240,17(11/5)	16,87	90,97(123/1)	6,60	72,54(229/5)
6	1,67	19,46(81/2)	21,44	238,32(241/10)	16,15	90,41(11/5)	6,54	72,50(9/5)
7	1,66	19,46(99/4)	20,74	236,95(88/10)	15,55	89,94(88/10)	6,46	72,45(193/1)
8	1,64	19,46(113/2)	20,20	235,88(240/10)	15,01	89,52(233/5)	6,34	72,36(171/5)
9	1,61	19,45(183/7)	19,76	235,03(233/5)	14,57	89,18(86/10)	6,22	72,28(228/5)
10	1,59	19,45(204/2)	19,36	234,24(245/10)	14,19	88,88(243/10)	6,12	72,21(11/5)
11	1,55	19,44(185/7)	18,99	233,51(228/5)	13,84	88,62(36/10)	6,01	72,14(234/5)
12	1,52	19,43(106/7)	18,68	232,90(10/5)	13,53	88,37(90/10)	5,92	72,08(245/10)
13	1,50	19,43(72/7)	18,40	232,35(173/5)	13,18	88,10(228/5)	5,83	72,02(12/5)
14	1,47	19,42(105/7)	18,16	231,88(171/5)	12,87	87,86(38/10)	5,74	71,96(167/5)
15	1,45	19,42(205/2)	17,93	231,43(9/5)	12,58	87,63(47/3)	5,66	71,91(240/10)
16	1,43	19,42(71/7)	17,70	230,99(229/5)	12,32	87,43(245/10)	5,59	71,86(233/5)
17	1,41	19,41(83/2)	17,50	230,58(230/5)	12,07	87,24(193/1)	5,52	71,81(88/10)
18	1,4	19,41(8/4)	17,31	230,21(93/10)	11,83	87,05(9/5)	5,45	71,76(10/5)
19	1,38	19,41(101/4)	17,14	229,88(242/10)	11,60	86,87(240/10)	5,38	71,71(241/10)
20	1,37	19,40(73/7)	16,96	229,54(191/1)	11,38	86,70(234/5)	5,31	71,67(123/1)

Tabela 3 – Cont.

Ord.	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
21	1,35	19,40(74/7)	16,80	229,23(243/10)	11,18	86,94(92/10)	5,24	71,62(243/10)
22	1,33	19,40(187/7)	16,65	228,92(47/3)	10,98	86,39(191/1)	5,18	71,57(71/7)
23	1,32	19,39(199/2)	16,48	228,60(86/10)	10,80	86,25(16/5)	5,11	71,53(169/5)
24	1,30	19,39(103/7)	16,29	228,22(234/5)	10,60	86,10(173/5)	5,06	71,49(86/10)
25	1,29	19,39(79/2)	16,08	227,80(36/10)	10,41	85,95(171/5)	5,00	71,46(230/5)
26	1,28	19,39(82/2)	15,88	227,41(12/5)	10,23	85,80(235/11)	4,95	71,42(47/3)
27	1,27	19,38(84/2)	15,69	227,05(71/7)	10,06	85,67(12/5)	4,90	71,38(188/7)
28	1,25	19,38(85/2)	15,51	226,68(169/5)	9,90	85,55(49/3)	4,84	71,34(36/10)
29	1,24	19,38(94/4)	15,32	226,31(92/10)	9,75	85,43(10/5)	4,78	71,3(191/1)
30	1,23	19,38(96/4)	15,12	225,92(49/3)	9,60	85,32(89/10)	4,71	71,26(92/10)
Média Geral		19,14		196,25		77,84		68,05

Ord.= ordenamento. Entre parênteses: Indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados.

Tabela 4. Ordenação com o ganho genético e as novas médias previstas via REML/BLUP, dos 30 melhores indivíduos selecionados da população segregante de goiabeira para as características espessura de casca (EC), massa fresca de placenta (MP), peso de polpa (PP) e produção total (PT). UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Ord.	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
1	20,02	2,98(83/2)	36,19	215,51(91/10)	38,45	49,77(91/10)	0,46	3795,55(188/7)
2	19,65	2,97(170/5)	35,05	213,71(93/10)	35,71	48,79(148/11)	0,42	3794,15(184/7)
3	19,50	2,97(233/5)	30,54	206,58(193/1)	31,89	47,41(93/10)	0,40	3793,23(93/10)
4	19,29	2,96(74/7)	28,23	202,92(173/5)	29,89	46,69(193/1)	0,39	3792,73(183/7)
5	19,11	2,96(114/2)	26,76	200,59(245/10)	28,56	46,22(45/11)	0,38	3792,42(71/7)
6	18,96	2,95(16/5)	25,74	198,98(9/5)	27,28	45,75(41/11)	0,37	3792,19(114/2)
7	18,84	2,95(185/7)	24,86	197,59(241/10)	26,09	45,32(123/1)	0,36	3791,90(185/7)
8	18,63	2,94(234/5)	24,12	196,42(88/10)	25,15	44,99(71/7)	0,35	3791,56(113/2)
9	18,44	2,94(62/1)	23,50	195,43(11/5)	24,10	44,61(230/5)	0,35	3791,27(72/7)
10	18,23	2,93(9/5)	22,98	194,62(16/5)	23,17	44,28(241/10)	0,34	3791,02(229/5)
11	18,03	2,93(193/1)	22,52	193,89(229/5)	22,40	44,00(173/5)	0,33	3790,81(106/7)
12	17,79	2,92(48/3)	22,11	193,24(240/10)	21,75	43,76(72/7)	0,33	3790,61(115/2)
13	17,59	2,92(229/5)	21,76	192,69(233/5)	21,18	43,56(245/10)	0,33	3790,44(105/7)
14	17,41	2,91(169/5)	21,37	192,06(123/1)	20,69	43,38(16/5)	0,32	3790,28(73/7)
15	17,15	2,91(184/7)	21,00	191,49(10/5)	20,21	43,21(235/11)	0,32	3790,10(81/2)
16	16,92	2,90(11/5)	20,64	190,91(86/10)	19,76	43,05(194/1)	0,31	3789,93(74/7)
17	16,71	2,90(84/2)	20,31	190,39(228/5)	19,34	42,90(191/1)	0,31	3789,78(103/7)
18	16,50	2,89(178/3)	20,00	189,90(243/10)	18,95	42,76(144/11)	0,30	3789,64(187/7)
19	16,29	2,89(73/7)	19,71	189,44(62/1)	18,59	42,63(233/5)	0,30	3789,51(104/7)
20	16,09	2,88(191/1)	19,44	189,01(12/5)	18,24	42,50(88/10)	0,30	3789,39(234/5)

Tabela 4 – Cont.

Ord.	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
21	15,89	2,88(167/5)	19,19	188,61(242/10)	17,92	42,39(171/5)	0,29	3789,28(204/2)
22	15,71	2,87(85/2)	18,95	188,23(36/10)	17,63	42,28(11/5)	0,29	3789,13(83/2)
23	15,54	2,87(201/2)	18,71	187,86(234/5)	17,36	42,19(10/5)	0,29	3788,98(108/7)
24	15,39	2,86(204/2)	18,49	187,51(171/5)	17,09	42,09(58/1)	0,28	3788,84(189/7)
25	15,24	2,86(230/5)	18,29	187,19(230/5)	16,82	41,99(62/1)	0,28	3788,69(205/2)
26	15,10	2,86(171/5)	18,10	186,89(71/7)	16,56	41,90(9/5)	0,27	3788,51(82/2)
27	14,96	2,85(173/5)	17,92	186,61(169/5)	16,32	41,81(142/11)	0,27	3788,34(12/5)
28	14,84	2,85(93/10)	17,69	186,25(47/3)	16,08	41,73(229/5)	0,27	3788,17(233/5)
29	14,71	2,85(110/2)	17,47	185,89(191/1)	15,85	41,64(149/11)	0,26	3788,02(84/2)
30	14,59	2,84(113/2)	17,25	185,55(167/5)	15,62	41,56(185/7)	0,26	3787,87(201/2)
Média Geral		2,48		158,25		35,95		3778,16

Ord.= ordenamento. Entre parênteses: Indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados.

3.1.4.3. Divergência genética com base em caracteres morfoagronômicos

A análise dos dados morfoagronômicos, utilizando-se o método UPGMA, com base na distância euclidiana média, permitiu a distinção de 122 genótipos em três grupos, onde o ponto de corte no dendrograma foi determinado pelo método de Mojena (1977) (Figura 1). Outros trabalhos encontraram um maior número de grupos, como o de Coser et al. (2014), onde conseguiram observar a formação de seis grupos. Os autores avaliaram 16 genótipos de *Psidium guajava* L., sendo duas cultivares (Paluma e Pedro Sato), 13 genótipos da cultivar Cortibel e um genótipo adquirido em viveiro, e realizaram as medições de 14 características dos frutos. O menor número de grupos do presente trabalho já era esperado, uma vez que as famílias vêm passando por seleções.

O grupo 1, o maior destes, foi formado por 102 genótipos (83,62%). Os indivíduos 83 e 242 obtiveram os maiores ganhos para EC e CF, respectivamente. Quanto às características agrônômicas, o número de frutos variou de 5 a 39 e o peso médio de frutos de 66,87 a 347,94 g.

O grupo 2 contém 18 genótipos (14,75%), sendo que apenas um destes não está entre os 30 melhores indivíduos ranqueados (Tabela 3 e 4) e apresentaram as maiores médias para NF e PT. Para a característica agrônômica número de frutos, os valores variaram de 10 a 68 frutos e para peso médio do fruto, variaram de 148,43 a 261,61 g.

O grupo 3, formado por apenas dois genótipos (91 e 93), apresentou as maiores médias para as características PF, DF, MP e PP. O genótipo 91 obteve 10 frutos e peso médio de 465,18 g. Já o genótipo 93 mostrou maior número de frutos e menor peso médio, sendo 55 frutos com média de 272,79 g.

Ganhos genéticos consideráveis em relação à média do experimento foram obtidos para peso médio de fruto, comprimento de fruto, diâmetro transversal do fruto, espessura de casca, massa fresca de placenta e peso de polpa.

O uso de informações morfoagronômicas mostrou variabilidade genética entre os genótipos das famílias de irmãos-completos com a formação de três grupos.

As progênies 2, 5, 7 e 10 estão representadas nos três grupos e obtiveram destaque principalmente para as características ligadas a qualidade do fruto, as quais mostraram acurácia elevada. Os genótipos destas famílias são indicados para futuros cruzamentos do programa de melhoramento genético da goiabeira.

3.2. MONITORAMENTO DA VARIABILIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA DA POPULAÇÃO EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS DE GOIABEIRA

3.2.1. INTRODUÇÃO

A família Myrtaceae é composta por plantas com grande representatividade nos ecossistemas brasileiros, destacando-se não apenas pela grande diversidade de espécies, como também pela complexidade destas (WCSP, 2016).

Dentro da família Myrtaceae, o gênero *Psidium* é um dos mais importantes e representativos (Tuler et al., 2020). Os representantes deste gênero desempenham papel ecológico importante, pois possuem frutos como fontes de alimentos, uso medicinal, recuperação de áreas degradadas e grande potencial de recursos genéticos (Neri et al., 2011; Cerio et al., 2017).

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é o principal representante do gênero, devido ao valor econômico para indústria e comércio. O Brasil tem destaque na produção de goiaba de polpa vermelha, a qual a maior parte é consumida em território nacional, enquanto a produção de goiaba de polpa branca é baixa, motivo da comercialização internacional deste fruto ser baixa (Moreira e Lima, 2010).

No estado do Rio de Janeiro, o cultivo da goiaba vem se expandindo, principalmente nas regiões Norte e Noroeste, por apresentarem condições favoráveis ao seu cultivo (Ambrósio et al., 2021). Porém, sua produtividade ainda é baixa, e, uma das causas, é a falta de uma cultivar própria para região.

Para o desenvolvimento de novas cultivares, é de suma importância conhecer a variabilidade genética do material a ser explorado. Uma das técnicas que nos auxilia é o uso dos marcadores moleculares, os quais economizam tempo e aceleram a resposta nos programas de melhoramento genético (Santos et al., 2020).

Dentre as diversas classes de marcadores moleculares disponíveis hoje, os microssatélites (SSR) se destacam como um dos mais úteis para avaliação de fluxo gênico, diversidade genética e estrutura populacional em espécies vegetais (Xiao et al., 2014). Outras características desses marcadores são alta reprodutibilidade, natureza multialélica, herança codominante, alto poder informativo e ampla disseminação pelo genoma (Oliveira et al., 2010).

O presente trabalho propõe a aplicação de marcadores microssatélites como ferramentas moleculares, a fim de estimar e monitorar a variabilidade genética de genótipos de famílias de irmãos-completos visando compreender melhor a estrutura genética da população.

3.2.2. REVISÃO

3.2.2.1. Aplicação de marcadores microssatélites em *Psidium guajava* L.

A avaliação da variação genética e dos padrões de diversidade genética de populações permite traçar metodologia específica para seu melhoramento, rápida adaptação e conservação. Várias técnicas baseadas em marcadores genéticos são acessíveis para a identificação e caracterização da variação genética. Dentre estes, o marcador molecular é mais aceito, pois supera muitas das restrições dos marcadores morfológicos e bioquímicos, pois não é influenciado pelo ambiente e pelas fases de crescimento da planta (Ismail et al., 2019). São característicos por serem sequências de nucleotídeos e podem ser investigados através do polimorfismo presente entre as sequências de nucleotídeos de diferentes indivíduos. Inserção, deleção, duplicação e translocação de mutações pontuais são as bases desses polimorfismos (Nadeem et al., 2017).

Cada marcador molecular tem sua própria qualidade, portanto, deve ser escolhido adequadamente com base em sua informatividade e facilidade de genotipagem (Ismail et al., 2016).

Dentre os marcadores moleculares, os microssatélites ou SSR (“*Simple Sequence Repeats*” ou Repetições de Sequências Simples) são amplamente utilizados em análises genéticas de plantas, pois apresentam vantagens consideráveis como codominância, multialelismo, alta frequência e distribuição aleatória no genoma e alto nível de polimorfismo (Rai et al., 2013).

Os microssatélites são caracterizados por sequências, também chamadas de motivos, de 1-6 nucleotídeos, que são repetidas em tandem, considerando que o polimorfismo produzido consiste na diferença no número de repetições de motivos em cada alelo (Buso et al., 2016). Quanto à localização, são provenientes de regiões genômicas ou gênicas (*EST-Expressed Sequence Tags*) do genoma nuclear, mitocondrial e cloroplastidial (Kalia et al., 2011).

Em plantas, os marcadores SSR podem ser amplamente empregados em estudos de diversidade genética, melhoramento vegetal, estrutura genética, filogenia, conservação e uso de recursos genéticos, obtenção de mapas de ligação, identificação de *loci* associados a características importantes ao melhoramento, tanto de natureza qualitativa quanto quantitativa (QTL). Esses marcadores são mais informativos para estudos de diversidade genética do que os dominantes, que foram previamente aplicados para esse fim em goiaba (Mani et al., 2011; Liu e Yang, 2012).

Risterucci et al. (2005) foram os primeiros a desenvolver uma coleção de 23 *primers* SSR para *P. guajava* com todos os loci considerados polimórficos em diferentes cultivares, e os testes de amplificação entre táxons mostraram a potencial transferência da maioria dos marcadores SSR em três outras espécies de *Psidium*. O projeto “Melhoramento da goiaba: mapeamento de ligação e análise de QTL como base para a seleção assistida por marcadores” (Guavamap) disponibilizou 192 *primers* e teve como objetivo melhorar a eficiência do melhoramento da goiaba (Guavamap, 2008).

Urquíá et al. (2019) realizaram um estudo com a cultura da goiaba, a qual foi considerada como grande ameaça à biodiversidade do arquipélago de Galápagos devido à sua efetiva disseminação no arquipélago e sua capacidade de vencer espécies endêmicas. Analisaram genótipos de goiaba em três ilhas do

arquipélago com 11 marcadores SSR. Os resultados revelaram diversidade genética semelhante entre as ilhas, e as populações parecem ser distintas: duas ilhas são geneticamente diferentes e a outra é uma mistura de ambas.

Santos et al. (2020), utilizaram marcadores microssatélites para a caracterização genético-molecular de populações segregantes de *Psidium* spp. resistentes a *Meloidogyne enterolobii* e verificaram pela análise bayesiana que as populações foram subdivididas em três grupos, mostrando que os marcadores SSR foram eficientes em discriminar as populações.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Material genético e Condições experimentais

O material utilizado na extração de DNA foi coletado na área experimental localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude. O clima do local é caracterizado como tropical subúmido e seco, com temperatura média anual variando entre 22 a 25 °C e precipitação média anual entre 1200 e 1300 mm.

Foram selecionados para extração de DNA 94 genótipos de 11 famílias de irmãos-completos e as cultivares Paluma, Pedro Sato e Cortibel 1, totalizando 97 genótipos (Tabela 1). A escolha desses 94 genótipos foi com base na produção vista na safra anterior e as cultivares para poder comparar quanto à estrutura genética.

As informações obtidas com a genotipagem dos 97 genótipos (Tabela 1) foram utilizadas para obter a estrutura genética da população e para estimar os parâmetros de diversidade genética entre os genótipos.

Tabela 1. Origem e identificação das 11 famílias de irmãos-completos, das 3 cultivares (Paluma, Pedro Sato e Cortibel) e pelo total dos genótipos de cada progênie. Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Descrição	Cruzamentos	Número total de genótipos	Número de genótipos selecionados
Família 1	8.4 II x 5.4 II	24	4
Família 2	10.5 I x 12.4 II	23	16
Família 3	12.11 II x 8.4 I	22	5
Família 4	4.5 x 2.6	22	10
Família 5	12.11 I x 8.4 I	23	12
Família 6	12.4 x 12.11	24	4
Família 7	12.11 II x 12.4 II	23	11
Família 8	12.11 II x 3.11 II	19	3
Família 9	12.11 x 7.9	24	3
Família 10	8.1 II x 12.4 II	22	17
Família 11	12.4 II x 12.11 II	21	9
Paluma	BAG da UENF	2	1
Pedro Sato	BAG da UENF	2	1
Cortibel 1	BAG da UENF	2	1
Total			97

3.2.3.2. Extração e quantificação do DNA genômico

A extração e quantificação do DNA genômico foram realizadas no Setor de Marcadores de DNA no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (LMGV/CCTA/UENF), Campos dos Goytacazes – RJ.

Foram coletadas folhas jovens individualmente de cada genótipo, utilizando o método CTAB padrão com modificações (Doyle e Doyle, 1990).

Em seguida, o DNA foi quantificado por análise em gel de agarose a 1 % com tampão TAE 1X (Tris, Acetato de Sódio, EDTA, pH 8,0), utilizando o marcador Lambda (λ) de 100 pb (100 ng/ μ L-1) (Invitrogen, USA) e foram coradas utilizando a mistura de Gel RedTM e Blue Juice (1:1). As imagens foram

capturadas pelo sistema de fotodocumentação Mini Bis Pro (Bio-Imaging Systems). Baseada nas imagens obtidas, a concentração de DNA foi estimada em comparação com o marcador de 100 pb e as amostras de DNA foram diluídas para a concentração de trabalho de 10 ng/ μL^{-1} .

3.2.3.3. Triagem dos *primers*

Visando testar as condições da reação em cadeia de polimerase (PCR), um total de 192 pares de *primers* (GuavaMap, 2008) projetados para amplificar *loci* SSR em *P. guajava* foram testados, com gradiente de temperatura variando de 48°C a 60°C. Com base na temperatura indicada, foram testados 2°C a mais e 2°C a menos, sendo selecionada a amplificação com melhor visualização. Após *screening*, foi selecionado um conjunto de 48 iniciadores para as reações de amplificação (Tabela 2).

Tabela 2. Sequência dos 48 pares de *primers* microssatélites utilizados na análise dos 97 genótipos de *Psidium guajava*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Locus	Sequence (5' 3')	TA	Referência
mPgCIR030	F: CTCAAAGCACTATCATGTCG R: CCTTGTGGGTTCTCTTTTG	55 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR032	F: CGCCTTTCGTAAGAAGT R: TCATATACTCGGACAAAACG	54 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR034	F: CTTTTAAGCACGTTTGACCT R: GCGTATTAACAGCTTGGAGA	55 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR035	F: TTGACCTGGCATTAAACAGA R: CATTGGGAAAGGGAAGAA	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR036	F: ATGACTTTGGAAGAGGATGA R: AGCAGTTACAGTTGCTCGTT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR039	F: GCTCACCTTACTCATTACAGC R: CTGTTGCTAAGAGCTTTCGT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR040	F: TGAATCTCCAGTGTCTTATCG R: TGATTTCAACTGCGTATGTC	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR044	F: TTCCAGGTCTATTGGATGTC R: GGGGACACAAAACCTTCATTA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR046	F: ATAGAACGCCATGTTACCAA R: CAGGCTTATCTGTTACACCA	55 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR048	F: TGCAGCTTCTTCAATGTTTC R: AAAACTTGGCAACGTCAGT	55 °C	GuavaMap 2008

Tabela 2 - Cont.

Locus	Sequence (5' 3')	TA	Referência
mPgCIR049	F: TCCTTTCCCACTTTTCATC R: ACAAGCTCCACACGTTACTC	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR090	F: ACGATGCAAGCTCTCCTAC R: CTTTAGGGCTCTTCTTGAAA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR091	F: GCGGTGGATTTGAATTTAG R: CCAAGTAACCCACAACAATA	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR092	F: GTAAGTTTTCCGCATCCTG R: ATATTGCACAGGGTGGTATC	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR096	F: ACGCTGCAAACGATACTAAT R: AACTCACACGAGCACAGAG	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR097	F: GACCTCAGTAGTTCAGCATGT R: TAGAGTGGACGGGAGGAG	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR106	F: GACTCGACAGGAAGGTCTC R: CAGCTTTGTATATCGCAAGA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR108	F: AGGACCTCACAGAAGTTCAC R: CGCTGTTTACACTGTCGTT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR109	F: AATTTCCACAGATCACAAGG R: GGCATCTCCATCAAATACAT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR133	F: CGATCTTGGAAATGTAAGAGG R: TGGATTTGCAGGTTCTATCT	54 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR134	F: AAACAAGTGGGAAAACCAG R: CAAAAGTCCAGCAAGAAAAC	50 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR135	F: CAGATAGCAAACCTGCCTCT R: ATATCCCTCTCGCCTTCTT	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR138	F: GGTGAGACCACTGAGTTCC R: GAAAGACCAATGAAATCGAC	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR139	F: ATAATCCCCTCCCATAACTA R: CCAACTCAACATGAGAAGC	54 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR140	F: GTGGTGAAGGAGTAAAGCTG R: GCAGTATAAAGCAACAGATGG	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR142	F: GTCGTGGTTTTCCAAAATA R: TACTGACTTCCCACACTCTTG	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR148	F: CATAAGAGTCGGATGGTTT R: GCTGCTGGTCTTAAAGCTAA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR150	F: CCTAGTGACTCGAAGCAATC R: TTGAGCCCTAGCATAGACAG	55 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR151	F: GGCTTTCCGTATGCTTAAT R: AACTGTGGTGGTTATCTGG	54 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR153	F: GCCTCTGGTAAATCTGTTGA R: ACATACGGATCAAGTCCAAA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR154	F: CTTCAGCTACAGCCTTTCC R: GGAGAAAGCAGAAATTCCA	54 °C	GuavaMap 2008

Tabela 2 – Cont.

Locus	Sequence (5' 3')	TA	Referência
mPgCIR164	F: TCCCGTAAGTTGTTCTGTTT R: CGTAAGAGATCGTGAAGGAG	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR166	F: CTTTCCCATCAAAACGTAAG R: CCAATTCATGCACTTAGACA	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR167	F: CAAGTTTGAAGGTGATGTAGAC R: GTTATTTGCGGTTTGCAG	55 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR174	F: GCCACTGTGTAAGAGGATTG R: ATTGTGGGAGATTGGAGAC	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR176	F: TTCTCAATGATAGGTTACGG R: ATGACTATTCTCCACCAGAT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR179	F: GGGTCTCGACTAAAGAAGGA R: CCTCCATTTGCATCAACTTT	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR185	F: AACGCATCTGGCATTGAT R: CCTTGGTCTCCCTCTTACTC	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR190	F: GAAGATTGGGAACCTAAGAA R: AGAAATGGGTTGTGGAGAG	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR200	F: CCTTGCTTTGGTGAGGTC R: GCTAATTCAGTCCTTCCAAC	53 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR203	F: ATGAAGGCATTACCTAAGAC R: ACCCTATTAACCCTTAGCAA	54 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR205	F: ACCTCTCCAGCTCTACACG R: GAGGTTGTCTGAAGGTTGAT	50 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR209	F: CTAAAGCCACATCCAGCA R: CTAACATTTGCCTTCTACAGC	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR220	F: AGAGCAGTGGTTGCTATTTT R: CCCATCTCTTACTTTTCTTGTG	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR221	F: CTAAGCCTGAAGTCCCAAAT R: CCTCTTCTAAAGGCAACGAC	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR230	F: CACATTTGCTCCTGATTTTC R: GCTCTTCAACGACCATCTT	56 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR235	F: TCTTCTGGACAACAAATTCC R: GATTTAAGGCAAAGGATCG	52 °C	GuavaMap 2008
mPgCIR240	F: CGAATGTCCAAGATTCAGTT R: CCTTCTTCATCTCAGCCTTT	55 °C	GuavaMap 2008

TA= Temperatura de anelamento.

3.2.3.4. Reação em cadeia da polimerase (PCR)

As reações de PCR foram feitas em termocicladores da Applied Biosystems/Veriti 96 well, em um programa de 35 ciclos, obedecendo às

seguintes temperaturas e tempo: 94 °C durante 4 minutos (desnaturação inicial); 94 °C por 2 minutos (desnaturação cíclica); temperatura específica de cada iniciador, em °C, por 1 minuto (anelamento); 72 °C por 2 minutos (extensão cíclica); 72 °C por 10 minutos (extensão final); e 4° C forever. O volume final foi de 13 µL de cada amostra, sendo 2µL de DNA (5 ng/µL), 1.50 µL de Tampão 10X (NH₄SO₄), 1.5 µL de MgCl₂ (25 mM), 1.5 µL de dNTPs (2 mM), 1 µL de iniciador (R+F) (5 µM) e 0.12 µL de Taq-DNA polimerase (5 U/µL) (Invitrogen, Carlsbad, Califórnia, EUA).

Os produtos da PCR foram diluídos numa relação de 6µl de amostra para 18 µl de Buffer E do kit DNF 900 e submetidos a um sistema de eletroforese capilar (Fragment Analyzer - AATI), no qual fragmentos amplificados de 35 a 500pb são separados com uma resolução de aproximadamente 2bp. Cada corrida teve duração de 2h e 20min sob uma voltagem de 8 kw.

3.2.3.5. Análise estatística dos dados moleculares

As observações obtidas pela amplificação dos 48 marcadores SSR foram convertidos em código numérico para cada alelo por loco. Tal matriz numérica foi desenvolvida atribuindo-se valores de 1 até o máximo de alelos por loco, como descrito a seguir: para um loco que apresenta três alelos, tem-se a representação 11, 22 e 33 para as formas homozigotas (A1A1, A2A2 e A3A3) e 12, 13 e 23 para as heterozigotas (A1A2, A1A3 e A2A3). A partir dessa matriz numérica, foram testados três índices: índice não-ponderado, índice ponderado e o índice de *Smouse Peakall* (Peakall and Smouse, 2012). Com base na maior correlação cofenética, o índice utilizado foi o ponderado, e as análises foram obtidas pelo programa GENES (Cruz, 2013). Após obter a matriz de distância, o agrupamento via dendrograma foi feito por meio do método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Average*), com auxílio do programa Mega versão 6 (Kumar et al., 2009), o número ótimo de marcadores foi estimado com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013) e o gráfico foi plotado com auxílio do *software* SigmaPlot.

A distribuição da variabilidade genética dos 97 genótipos foi estimada, com o auxílio do programa Genalex 6.5 (Peakall e Smouse, 2012), tendo por base os seguintes parâmetros: número de alelos por loco polimórfico (NA), heterozigosidade observada (Ho), heterozigosidade esperada (He), índice de informação (I) e índice de fixação (f).

A H_o é a proporção de indivíduos heterozigotos observados em uma população estudada

$$H_o = \frac{\sum_{j=1, j \neq 1}^a n_{ij}}{n}$$

Onde:

- n_{ij} : equivale ao número de heterozigotos em cada *loco*.

- n : total de indivíduos pesquisados.

A H_e pode ser definida como uma fração estimada de todos os indivíduos que poderiam ser heterozigóticos de um *loco*, sendo estimada através da fórmula:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^k x_i^2$$

Onde:

X_i : frequência de alelo i

K : número de alelos

O Índice de fixação (F), que se estima o coeficiente médio de endogamia pode ser estimada por meio de:

$$F = 1 - \frac{H_e}{H_o}$$

Onde:

- H_o : frequência de heterozigotos numa população supostamente em equilíbrio de Hardy - Weinberg.

- H_e : frequência de heterozigotos numa população sujeita a acasalamento entre aparentados.

3.2.3.6. Análise da estrutura genética da população

Para acessar a estrutura dos 97 genótipos, foi utilizado um método baseado em algoritmos de agrupamento bayesiano, com o uso do *software STRUCTURE* versão 2.3.4 (Pritchard et al., 2000). Para tanto, empregou-se o modelo “*no admixture model*” e frequências alélicas independentes, usando-se

um “*Burning Period*” de 250.000, seguido de uma extensão (*Markov Chain Monte Carlo*) de 750.000 repetições. Foram efetuadas 10 simulações com k variando de 1 a 10 para melhor estabilidade do número de *clusters*.

O teste estatístico Δk foi realizado usando o aplicativo “*Structure Harvester*” baseado no critério de Evanno et al. (2005). Este critério baseia-se na média e no desvio padrão do $\ln P(D)$ estimado em cada uma das 10 interações por k . Os valores de Δk_i foram estimados através da fórmula: $\Delta k_i = \text{ABS}(k_{i+1} - (2 \cdot k_i) + k_{i-1}) / \text{desvio padrão de } K_i$.

Onde:

i : corresponde ao número de grupos simulados, indo de $i = 1$ até $i = 10$.

ABS = corresponde ao módulo.

Esse valor de Δk é estimado para cada k , sendo selecionado o que apresentar maior valor. Após escolhido o Δk ótimo, escolhe-se a simulação de menor valor de $\ln P(D)$, dentre as 10 simulações feitas para a obtenção do mesmo. Cada cor do gráfico gerado representa um possível grupo de indivíduos estruturados.

3.2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise da variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o número de alelos por loco variou de 2 a 4, com média igual a 2,542, obtendo-se um total de 112 alelos para os 48 locos avaliados (Tabela 3).

Santos et al. (2020) ao caracterizarem locos de SSR desenvolvidos para *P. guajava* em populações segregantes de hibridação de *P. cattleyanum*, *P. guajava* e *P. guineense*, encontraram variação semelhante, cujo número de alelos por loco variou de 2 a 4, com média de 2,7. Coser et al. (2012) reportaram que os 24 locos SSR analisados geraram de 2 a 5 alelos por loco, com média de 2,7. Kherwar et al. (2018) avaliaram 36 variedades de goiaba, incluindo espécies silvestres, e verificaram um número maior de alelos por loco, com variação alélica de 2 a 7 alelos e média de 3,682.

Dentre os 48 locos microssatélites analisados, 30 seriam suficientes para realizar as análises desse trabalho (Figura 1). Santos et al. (2020) analisaram 33 locos e relataram que 15 seriam suficientes. Oliveira et al. (2009) informaram que 10 *primers* seriam suficientes para o estudo de diversidade. O alto número de marcadores necessários se deve ao fato do material genético analisado ser proveniente de seleções anteriores (Pessanha et al., 2011; Quintal et al., 2017) e por isso, ter estreitado a base genética.

Tabela 3. Medidas de diversidade para os 48 marcadores microssatélite nos 97 genótipos analisados. Sendo NA: número de alelos; I: índice de informação; He: heterozigosidade esperada; Ho: heterozigosidade observada; e F: índice de fixação. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Locus	Na	I	He	Ho	F
mPgCIR030	2,000	0,648	0,456	0,255	0,440
mPgCIR032	2,000	0,584	0,395	0,021	0,947
mPgCIR034	3,000	0,762	0,515	0,458	0,109
mPgCIR035	4,000	0,229	0,090	0,021	0,770
mPgCIR036	3,000	0,703	0,487	0,340	0,301
mPgCIR039	3,000	0,399	0,211	0,196	0,073
mPgCIR040	2,000	0,594	0,404	0,313	0,227
mPgCIR044	2,000	0,693	0,500	0,547	-0,095
mPgCIR046	3,000	0,701	0,485	0,072	0,851
mPgCIR048	3,000	0,715	0,498	0,010	0,979
mPgCIR049	3,000	0,563	0,356	0,344	0,033
mPgCIR090	2,000	0,261	0,135	0,042	0,692
mPgCIR091	2,000	0,542	0,356	0,381	-0,071
mPgCIR092	2,000	0,080	0,030	0,031	-0,016
mPgCIR096	2,000	0,691	0,497	0,557	-0,119
mPgCIR097	2,000	0,690	0,497	0,505	-0,016
mPgCIR106	3,000	0,119	0,042	0,022	0,492
mPgCIR108	2,000	0,617	0,426	0,385	0,095
mPgCIR109	3,000	0,661	0,445	0,474	-0,065
mPgCIR133	3,000	0,496	0,286	0,021	0,926

Tabela 3 – Cont.

Locus	Na	I	He	Ho	F
mPgCIR134	2,000	0,675	0,482	0,532	-0,104
mPgCIR135	2,000	0,542	0,356	0,031	0,913
mPgCIR138	3,000	0,741	0,507	0,436	0,139
mPgCIR139	4,000	0,753	0,510	0,533	-0,046
mPgCIR140	2,000	0,687	0,494	0,467	0,055
mPgCIR142	3,000	0,547	0,341	0,299	0,124
mPgCIR148	2,000	0,587	0,398	0,463	-0,165
mPgCIR150	2,000	0,673	0,480	0,490	-0,019
mPgCIR151	2,000	0,693	0,500	0,402	0,196
mPgCIR153	3,000	0,640	0,390	0,323	0,172
mPgCIR154	3,000	0,631	0,418	0,577	-0,381
mPgCIR164	2,000	0,263	0,137	0,147	-0,080
mPgCIR166	4,000	0,670	0,416	0,441	-0,059
mPgCIR167	2,000	0,608	0,417	0,308	0,263
mPgCIR174	2,000	0,693	0,500	0,253	0,494
mPgCIR176	2,000	0,692	0,498	0,522	-0,048
mPgCIR179	2,000	0,640	0,448	0,344	0,232
mPgCIR185	3,000	0,522	0,319	0,021	0,935
mPgCIR190	4,000	0,891	0,523	0,074	0,858
mPgCIR200	2,000	0,439	0,268	0,213	0,207
mPgCIR203	2,000	0,687	0,493	0,406	0,177
mPgCIR205	3,000	0,766	0,506	0,010	0,981
mPgCIR209	2,000	0,529	0,345	0,340	0,014
mPgCIR220	3,000	0,498	0,261	0,255	0,022
mPgCIR221	2,000	0,667	0,474	0,438	0,077
mPgCIR230	3,000	0,921	0,544	0,457	0,159
mPgCIR235	3,000	1,000	0,599	0,261	0,564
mPgCIR240	2,000	0,685	0,492	0,032	0,936
Média	2,542	0,606	0,401	0,293	0,275

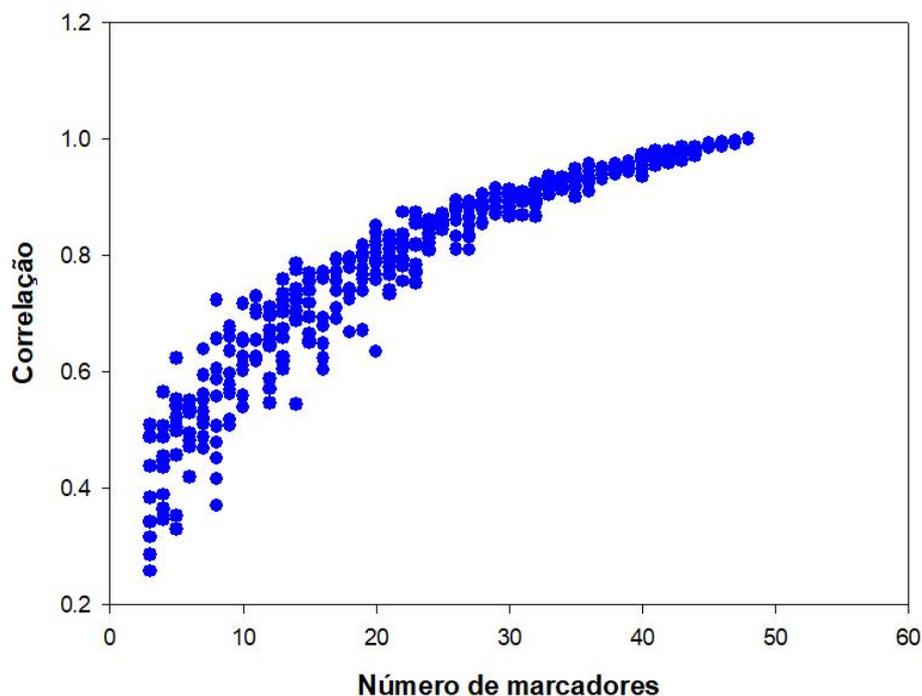


Figura 1. Número ótimo de marcadores microssatélites analisados em 97 genótipos de *Psidium guajava*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

A utilização do Índice de Shannon como medida de diversidade populacional é baseado na frequência de indivíduos com uma banda em um grupo de locos polimórficos, com valores de 0 a 1, e quanto mais próximo de zero, menor é a diversidade genética (Moura et al., 2005). Considerando todos os genótipos analisados, os valores desse índice variaram de 0,080 (mPgCIR092) a 1,000 (mPgCIR235). O valor médio de 0,606 revelou moderada variabilidade nesta população, mas suficiente para dar continuidade ao programa de melhoramento genético.

Os valores de heterozigosidade esperada (H_e) variaram de 0,030 (mPgCIR092) a 0,599 (mPgCIR235), apresentando média de 0,401. A heterozigosidade observada (H_o) variou de 0,010 (mPgCIR048 e mPgCIR205) a 0,577 (mPgCIR154), com uma média de 0,293. Dos 48 locos analisados, apenas 14 apresentaram valores de H_o maiores que H_e , indicando um número moderado de indivíduos heterozigotos para os locos avaliados, o que já era esperado, pois se trata de genótipos que passaram por seleções. Tuler et al. (2015), avaliaram um método para identificação de espécies em *Psidium* spp. com base no perfil de

amplificação de grupos de marcadores SSR obtidos por um estudo de transferibilidade, e observaram valor 0,47 para H_e média, valor próximo ao obtido neste estudo. Silva et al. (2020), realizaram a caracterização genético-molecular de populações segregantes de *Psidium* spp. por marcadores microssatélites e encontraram valor de H_o de 0,288.

Quanto ao Índice de Fixação (F), a variação entre os locos foi de -0,381 (mPgCIR154) a 0,981 (mPgCIR205), com média de 0,275. Quatorze dos 48 locos apresentaram F negativo. Isso indica que os alelos para esses locos não estão sendo fixados por parentesco.

A diversidade pôde ser constatada pela formação de grupos contendo acessos similares nas análises de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA (Figura 2). O ponto de corte foi definido na região com maior coerência na formação dos grupos, onde foram formados quatro grupos.

O grupo I reuniu o maior conjunto de genótipos, totalizando 73 indivíduos (75,26%), onde está alocada a cultivar Cortibel 1. O grupo II contém 22 indivíduos (22,68%). Os grupos III e IV contêm as cultivares Pedro Sato e Paluma, respectivamente (1,03% cada grupo). Kareem et al. (2018) avaliaram 37 acessos de goiabeira e constataram a formação de 4 grupos e sugeriram que os acessos coletados na mesma região geográfica ou programa de melhoramento tendem a se agrupar, indicando que, apesar da ampla distribuição da goiaba no mundo tropical, a troca de germoplasma entre as regiões tem sido limitada. Com isso, para a manutenção da diversidade genética, cruzamentos entre genótipos das famílias de irmãos-completos do grupo I e II são indicados por contribuir em retardar a elevação de endogamia populacional.

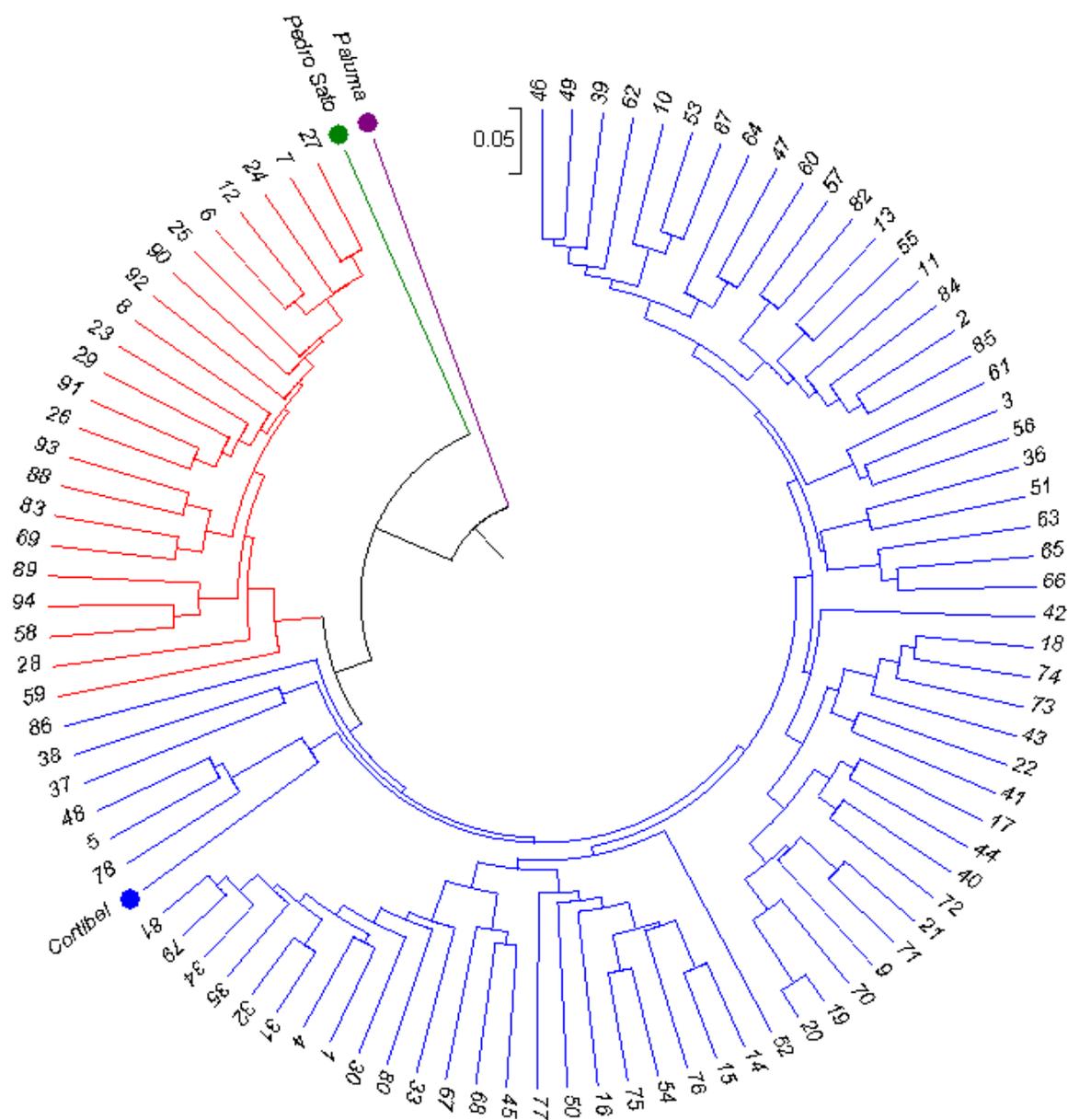


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 97 genótipos de goiabeira, obtido pelo método UPGMA, via marcadores SSR. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

No que concerne à abordagem bayesiana baseada no critério de Evanno et al. (2005), os alelos foram usados para realizar inferências sobre a estrutura genética de famílias de irmãos-completos de goiabeira e três cultivares (Paluma, Pedro Sato e Cortibel 1). Destarte, o maior valor de ΔK (Figura 3) foi obtido quando dois *clusters* foram formados, sugerindo que a estruturação máxima foi

observada quando a amostra foi dividida em 2 grupos, sendo estes bem estruturados (Figura 4).

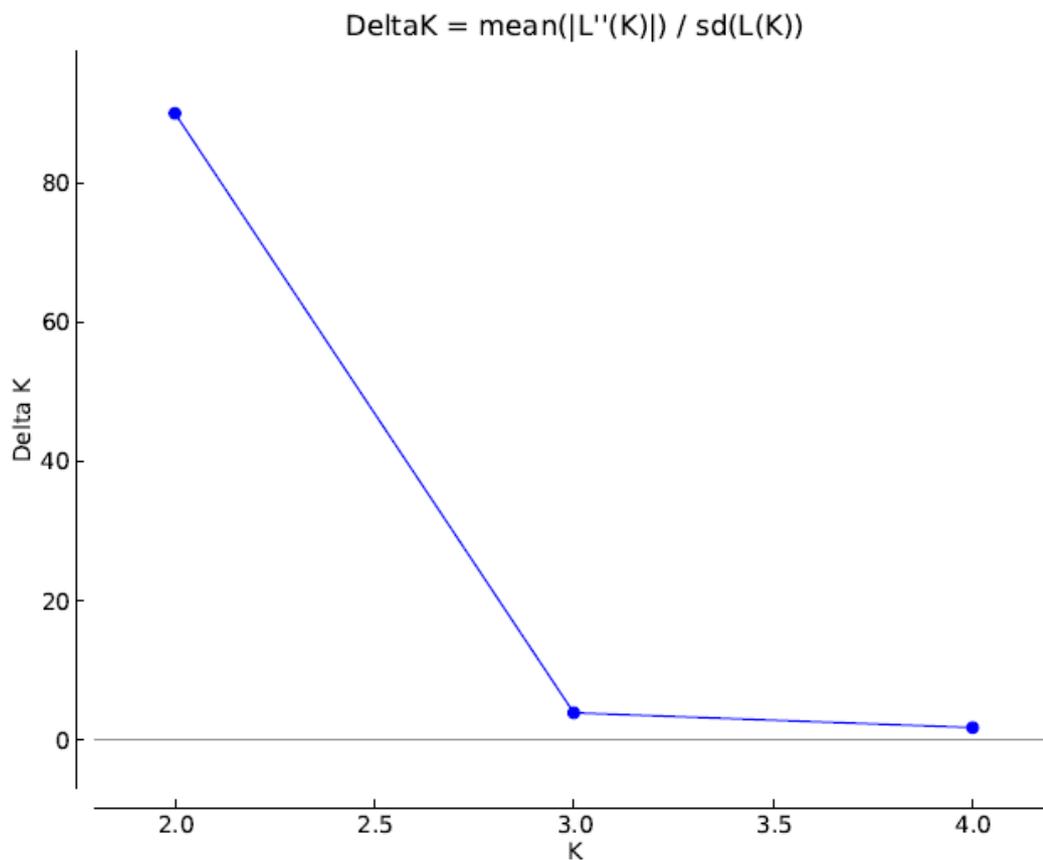


Figura 3. Gráfico de pico do ΔK indicando o número ótimo de *clusters* genéticos para a análise bayesiana obtida pelo programa *Structure* 2.3.4. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

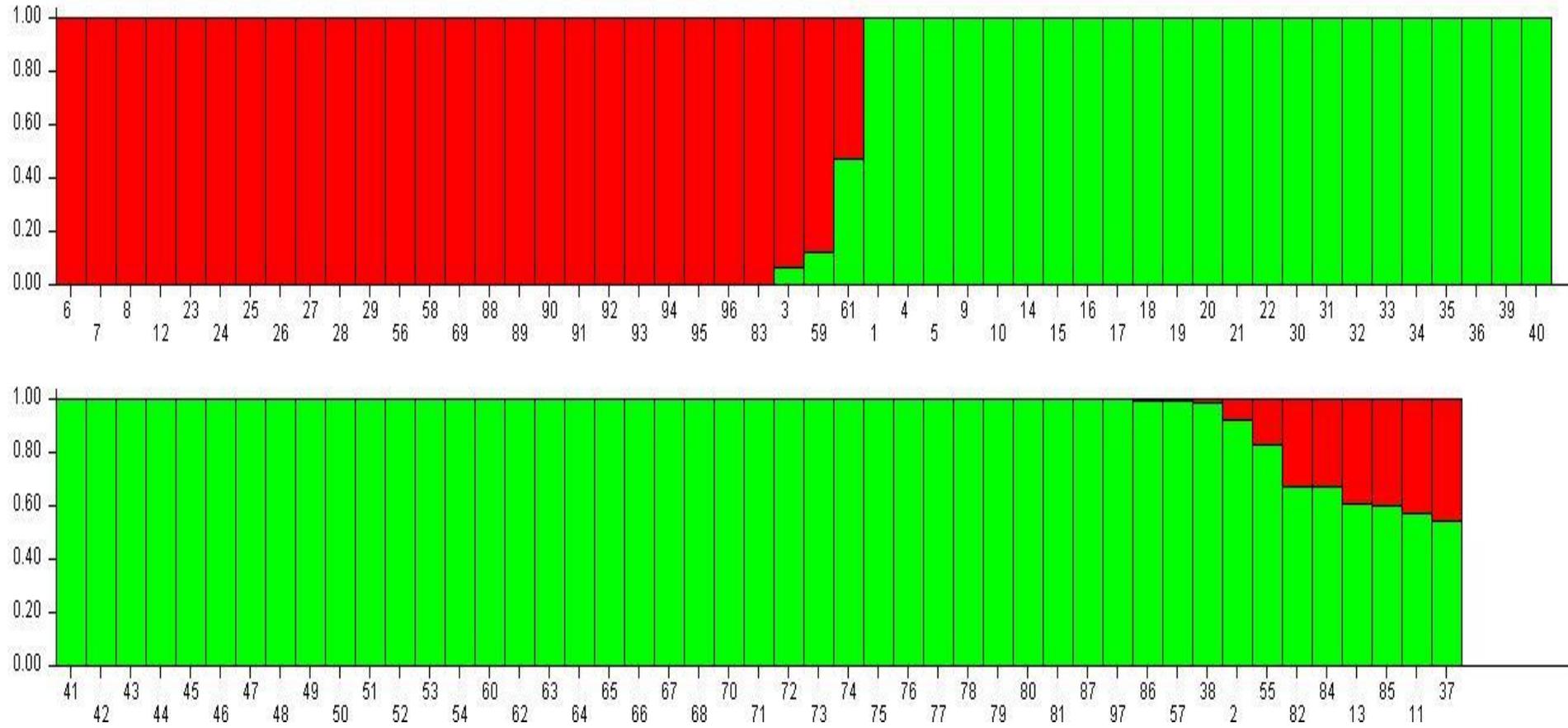


Figura 4. Agrupamentos pela inferência bayesiana de 94 genótipos de 11 famílias de irmãos-completos e três cultivares: Paluma (95), Pedro Sato (96) e Cortibel 1 (97). Os genótipos são representados na linha horizontal, e cada grupo genético é representado por uma cor. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

No grupo 1 foram alocados 70 genótipos, sendo um deles a cultivar Cortibel 1. Já o grupo 2 é composto por 27 genótipos, sendo dois deles, as cultivares Paluma e Pedro Sato. Nota-se um baixo número de grupos, e isso é devido aos indivíduos compartilharem a maioria das regiões genômicas analisadas. Urquíá et al. (2019) encontraram resultado parecido, onde avaliaram 269 indivíduos de *P. guajava* quanto a estrutura genética, com três populações em três ilhas localizadas no Arquipélago de Galápagos e encontraram 2 *clusters*, com a diversidade alélica equivalente em todas as três ilhas. Sugeriram que uma dinâmica de introdução semelhante moldou essas populações ou que ocorreu certo grau de homogeneização por meio do fluxo gênico entre as ilhas.

Mesmo com a obtenção de apenas dois grupos, isso é suficiente para auxiliar o direcionamento dos próximos cruzamentos entre genótipos das famílias de irmãos-completos de grupos diferentes.

3.2.3. CONCLUSÃO

Os marcadores SSR foram eficientes em discriminar os genótipos, o que poderá auxiliar em novas etapas do programa de melhoramento genético da goiabeira.

Pela inferência bayesiana foi possível observar uma estruturação bem definida entre os grupos e é indicado que os próximos cruzamentos sejam realizados entre genótipos de grupos diferentes, a fim de manter a variabilidade genética da população.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abbas, M.M., Javed, M.A., Ishfaq, M., Alvi, M.A. (2013) Grafting techniques in guava (*Psidium guajava*). *Journal of agricultural research*, 51 (4).
- Alves, J.E., Freitas, B.M. (2007) Requerimentos de polinização da goiabeira. *Ciência Rural*, 37 (5): 1281-1286.
- Ambrósio, M., Viana, A.P., Ribeiro, R.M., Preisigke, S.C., Cavalcante, N.R., Silva, F.A.T., Xavier, G., Sousa, C.M.B. (2021) Genotypic superiority of *Psidium Guajava* S₁ families using mixed modeling for truncated and simultaneous selection. *Scientia Agricola*, 78 (2).
- Bandera, E., Pérez, L. (2018) Los modelos lineales generalizados mixtos. Su aplicación en el mejoramiento de plantas. *Cultura Tropical*, 39 (1): 127-133.
- Bertoldo, J.G., Silva, R.P., Favreto, R., Nodari, R.O., Donazzolo, J., Koenig, L. F.C., Jacoby, T. (2017) Predição dos valores genéticos entre e dentro de populações de goiabeira-serrana em fase juvenil. *Revista Brasileira de Tecnologia Agropecuária*, 1: 97-104.

- Buso, G., Reis, A., Amaral, Z., Ferreira, M. (2016) Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. *Genetics and Molecular Research*, 15: 1-12.
- 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.
- Campos, B.M., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Goncalves, L.S.A., Pessanha, P.G.O. (2013) Quantification of the genetic divergence among guava accessions using Ward-MLM strategy. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35: 87-94.
- Campos, L.Z.O. Etnobotânica do gênero *Psidium* I. (Myrtaceae) no Cerrado brasileiro. (2010) Dissertação (Mestrado em botânica) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília.
- Carias, C.M.O.M., 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. *Coffe Science*, 11 (1): 39-45.
- Cortes, D.F.M., Catarina, R.S., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia*, 1: 12-19.
- Coser, S.M., Ferreira, M.F.S., Ferreira, A., Mitre, I.K., Carvalho, C.R., Clarindo, W.R. (2012) Assessment of genetic diversity in *Psidium guajava* L. using different approaches. *Scientia Horticulturae*, 148: 223-229.
- Coser, S.M., Ferreira, M.F.S., Ferreira, A., Saraiva, S.H. (2014) Diversidade genética de seleções de goiabeiras Cortibel. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36 (2): 391.

- Costa, A.F., Teodoro, P.E., Bhering, L.L., Tardin, F.D., Daher, R.F., Campos, W.F., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2017) Molecular analysis of genetic diversity among vine accessions using DNA markers. *Genetics and Molecular Research*, 16: 1-9.
- Cruz, C.D., Regazzi A.J., Carneiro P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV: 514p.
- Cruz, C.D. (2013) GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. 35(3,): 271-276.
- Cruz, D.P., Moraes, R., Gravina, L.M., Daher, R.F., Araújo, K.C., Vivas, M., Silva, C.Q., Gomes, A.B.S., Oliveira, T.R.A., Gravina, G.A., Silva, V.B. (2018) Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). *Genetics and Molecular Research*, 17 (2).
- Díaz-de-Cerio, E ., Verardo, V ., Gómez-Caravaca, A.M., Fernández-Gutiérrez, A., Segura-Carretero, A. (2017) Health Effects of Psidium guajava L. Leaves: An Overview of the Last Decade. *International Journal Molecular Sciences*, 18 (4): 897.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14: 2611-2620.
- Faostat, F. (2013) Agriculture organization of the United Nations. FAO, Retrieved from. Disponível em:<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>. Acesso em: 11 de janeiro de 2021.
- Ferreira Júnior, J.A., Gonçalves, G.M.B., Crevelari, J.A., Vettorazzi, J.C.F., Gonçalves, V.M.L., Duraes, N.N.L., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2020) Genetic

progress in maize from advanced cycles of reciprocal recurrent selection through REML/BLUP. *Australian Journal of Crop Science*, 14: 1295-1301.

Flori, J.E. (2016) Principais variedades de goiaba. *Revista Campos e Negócios - Hortifruti*. 72-73.

Franzon, R.C., Campos, L.Z.O., Proença, C.E.B., Sousa-Silva, J.C. (2009) Araças do gênero *Psidium*: principais espécies, ocorrência, descrição e usos. Planaltina/DF: Embrapa Cerrados.

Garcia, C.H., Nogueira, M.C.S. (2005) Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. *Scientia Forestalis*, Piracicaba/SP, 68: 107-112.

Gomes Filho, A., Oliveira, J.G., Viana, A.P., Siqueira, A.P.O., Oliveira, M.G., Pereira, M.G. (2010). Marcadores moleculares RAPD e descritores morfológicos na avaliação da diversidade genética de goiabeiras (*Psidium guajava* L.) *Acta Scientiarum Agronomy*, 32: 627-633.

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.

Govaerts, R., Sobral, M., Ashton, P., Barrie, F., Holst, B.K., Landrum, L.L., Matsumoto, K., Mazine, F.F., Lughadha, E.N., Proença, C., Soaressilva, L.H., Wilson, P.G. (2012) World check-list of Myrtaceae. Facilitado pelo Royal Botanic Gardens.

Guavamap, generation and screening of microsatellite markers (SSR) in guave. (2008). disponível em: <<http://www.neiker.net/neiker/guavamap/for1-6a.htm>>.

- Haida, K.S., Haas, J., Mello, S.A.D., Haida, K.S., Abrão, R.M., Sahd, R. (2015) Compostos fenólicos e atividade antioxidante de goiaba (*Psidium guajava* L.) fresca e congelada. *Revista Fitos*, 9 (1): 37-44.
- Henderson, C.R. (1973) Sire evaluation and genetics trends in: animal breeding and genetics symposium. *American Society of Animal Science*, 3: 10-41.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística [IBGE]. (2020) *Banco de dados agregados: produção agrícola municipal*. Rio de Janeiro, RJ: IBGE. Recuperado em 11 de janeiro de 2021 de <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>.
- Ismail, N.A., Rafii, M.Y., Mahmud, T.M.M., Hanafi, M.M. (2016) Molecular markers: a potential resource for ginger genetic diversity studies. *Molecular Biology Reports*, 43 (12): 1347-1358.
- Ismail, N.A., Rafii, M.Y., Mahmud, T.M.M., Hanafi, M.M. (2019) Genetic Diversity of Torch Ginger (*Etilingera elatior*) Germplasm Revealed by ISSR and SSR Markers. *BioMed Research International*, 2019: 14pp.
- Kalia, R.K., Rai, M.K., Kalia, S., Singh, R., Dhawan, A. K. (2011) Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*, 177: 309-334.
- Kareem, A., Jaskani, M.J., Mehmood, A., Khan, I.A., Awan, S., Sajid, M.W. (2018) Morphogenetic characterization and phylogenetic relationship of Guava (*Psidium guajava* L.). *Genetic resources in Pakistan*, 40 (4): 1-11.
- Kherwar, D., Usha, K., Mithra, S.V.A. (2018) Microsatellite (SSR) marker assisted assessment of population structure and genetic diversity for morpho-physiological traits in guava (*Psidium guajava* L.). *J. Plant Biochem. Biotechnol*, 27: 284-292.

- Kumar, S., Nei, M., Dudley, J., Tamura, K. (2009) Mega: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Brief Bioinform*, 9: 299-306.
- Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bhering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45 (10): 1117-1123.
- Lima, M.A.C., Bassoi, I.H., Silva, D.J., Santos, P.S., Paes, P.C., Ribeiro, P.R.A., Dantas, B.F. (2008) Effects of levels of nitrogen and potassium on yield and fruit maturation of irrigated guava trees in the São Francisco valley. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 30 (1): 246-250.
- Liu, X., Yang, G. (2012) Assessment of clonal fidelity of micro-propagated guava (*Psidium guajava*) plants by ISSR markers. *Aust. J. Crop Sci.*, 6: 291-295.
- Lopes, R., Lopes, M.S., Carneiro, F.P., Matta, L.E.A. (2006). Analysis and mapping of resistance genes to *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae* in yellow passion fruit. *Genome*, 49: 17-29.
- Malta, A., Araújo, R., Medeiros, J., Costa, N., Silva, S. (2018) Produção da goiabeira (*Psidium guajava* L.) em sistema convencional e orgânico. *Pesquisa Agropecuária Pernambucana*, 23(1): 4-10.
- Mani, A., Mishra, R., Thomas, G. (2011) Elucidation of diversity among *Psidium* species using morphological and SPAR methods. *Journal Phytology*, 3: 53-61.
- Manica, I., Icuma, I.M., Junqueira, N.T.V., Salvador, J., Moreira, A., Malavolta, E. (2001) Goiaba: do plantio ao consumidor. Porto Alegre: Cinco Continentes.
- Marques, A.M., Tuler, A.C., Carvalho, C.R., Carrijo, T.T., Ferreira, M.F.S., Clarindo, W.R. (2016) Refinement of the karyological aspects of *Psidium*

- guineense (Swartz, 1788): a comparison with *Psidium guajava* (Linnaeus, 1753). *Comparative cytogenetics*, 10 (1): 17-28.
- Moreira, F.R.B., Lima, M.F. (2010) A cultura da goiaba. 2° edição. Petrolina, Embrapa Informação Tecnológica, 180p.
- Moreira, R.M., Viana, A.P., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Preisigke, S.C. (2019) Breeding passion fruit populations - review and perspectives. *Functional Plant Breeding Journal*, 1: 16-29.
- Moura, E.F., Pinto, J.E.B.P., Santos, J.D., Lameira, O.A. (2005) Genetic diversity in a jaborandi (*Pilocarpus microphyllus* Stapf.) germplasm bank assessed by RAPD markers. *Rev. Bras. Plantas Mediciniais*, 7:1-8.
- Nadeem, M.A., Nawaz, M.A., Shahid, M.Q., Dogan, Y., Comertpay, G., Yildiz, M., Hatipoglu, R., Ahmad, F., Alsaleh, A., Labhane, N., Özkan, H., Chung, G., Baloch, F.S. (2018) DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32 (2): 261-285.
- Nimisha, S., Kherwar, D., Ajay, K.M., Singh, B., Usha, K. (2013) Molecular breeding to improve Guava (*Psidium guajava* L.): current status and future prospective. *Scientia Horticulturae*, 164: 578-588.
- Nogueira, A.M., Ferreira, M.F., Guilhen, J.H., Ferreira, A. (2014) Multivariate analysis in a genetic divergence study of *Psidium guajava*. *Genet Mol Res*, 13 (4): 10657-68.
- 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., Silva, A.S., Carvalho, A.M., Santos, L.F., Costa, J.L., Amorim, V.B.O., Dantas, J.L.L. (2010) Polymorphic microsatellite marker set for *Carica papaya* L. and its use in molecular-assisted selection. *Euphytica* 173: 279-287.
- Oliveira, F.T., Hafle, O.M., Mendonça, V., Moreira, J.N., Pereira Junior, E.B., Rolim, H.O. (2015) Respostas de porta-enxertos de goiabeira sob diferentes fontes e proporções de materiais orgânicos. *Comunicata Scientiae*, 6(1): 17-25.
- Oliveira, I.P., Oliveira, L.C., Moura, C.S.F.T., Lima Júnior, A.F., Rosa, S.R.A. (2012) Cultivo da goiabeira: do plantio ao manejo. *Revista Eletrônica Faculdade Montes Belos*, 5(4).
- Oliveira, N.N.S., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Paiva, C.L., Marinho, C.S. (2014) Analysis of genetic distance between access of the gender *Psidium* by route markers ISSR. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36: 917-923.
- Patterson, H. D., Hunter, E. A. (1983) The efficiency in incomplete block design in national list and recommended list cereal variety trials. *Journal Agriculture Science*, 101: 427-433.
- Peakall, R., Smouse, P.E. (2012) GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *BMC Bioinformatics*. 28: 2537-2539.
- 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., Kavati, R. (2011) Contribution of brazilian scientific research in developing some of subtropical fruit. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 33(1): 92-108.
- Pereira, F.M., Nachtigal, J.C. (2003). Melhoramento da goiabeira: tecnologia e mercado. Viçosa: UFV, 53-78.

- Pérez Pelea, L., Fernández, E.V., Herrero, J.V.I., Palenzuela, B.V., Hernández, M.T.C. (2019) Predicción de valores genéticos aditivos en genotipos de guayabo (*Psidium guajava*) (Myrtaceae). *Revista del Jardín Botánico Nacional*, 40: 23-32.
- Pessanha, P.G.O., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T., Souza, R.M., Teixeira, M.C., Pereira, M.G. (2011) Assessment of genetic diversity in access to *Psidium* spp. via RAPD markers. *Revista Brasileira de Fruticultura* 33: 129-136.
- Petek, M.R., Sera, T., Fonseca, I.C.B. (2008) Prediction of additive genetic values in the elemental selection of coffee cultivars that are more resistant to rust. *Bragantia* , 67 (1): 133-140.
- Pommer, C.V., Murakami, K.R.N. (2009) Breeding guava (*Psidium guajava* L.). *Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species*, 1: 83-120.
- Powell, W., Machray, G.C., Provan, J. (1996) Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science*, Oxford, 1 (7): 215-222.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Junior, A.T. (2017a) Analysis of structures of covariance and repeatability in guava segregant population. *Revista Caatinga*, 30: 885-891.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Junior, A. T. (2017b) Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39 (2): 859-866.
- Rai, M.K., Phulwaria, M., Shekhawat, N.S. (2013) Transferability of simple sequence repeat (SSR) markers developed in guava (*Psidium guajava* L.) to four Myrtaceae species. *Molecular Biology Reports*, 40(8): 5067-5071.
- Rai, V.P., Kumar, R., Kumar, S., Rai, A., Kumar, S., Singh, M., Singh, S.P., Rai, A.B. (2013) Genetic diversity in *Capsicum* germplasm based on microsatellite

and random amplified microsatellite polymorphism markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 19: 575-586.

Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica.

Resende, M.D.V. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa florestas, 561p.

Resende, M.D.V., Sturion, J.A., Carvalho, A.P., Simeão, R.M., Fernandes, J.S.C. (2000) Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones. *Colombo: Embrapa Florestas*, (Embrapa Florestas. Circular Técnica), 43: 66.

Ribeiro, C. (2018) A goiabada vence a crise: gigante brasileira espera crescer 20%. *Globo Rural: Empresas & Negócios*.

Risterucci, A. M., Duval, M. F., Rohde, W., Billotte, N. (2005) Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Molecular Ecology Notes*, 5:745-748.

Risterucci, A.M., Duval, M.F., Rohde, W., Billotte, N. (2005) Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Molecular Ecology Notes*, 5: 745-748.

Salazar, D.M., Melgarejo, P., Martínez, R., Martínez, J.J., Hernández, F., Burguera, M. (2006) Estágios fenológicos da goiabeira (*Psidium guajava* L.). *Sci. Hortic*, 108: 157-161.

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): 1-11.

- Santos, E.V.C. (2017) "Relação campo-cidade e as ruralidades nos assentamentos rurais em Campos dos Goytacazes, RJ". *Proyección*, 18: 54-88.
- Santos, P.R., Viana, A.P., Gomes, V.M., Preisigke, S.C., Almeida, O.F., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Rodrigues, R., Walker, M.A. (2019). Resistance to *Pratylenchus brachyurus* in *Vitis* species population through multivariate approaches and mixed models. *Scientia Agricola*, 76: 424-433.
- Santos, P.R., Viana, A.P., Gomes, V.M., Preisigke, S.C., Santos, E.A., Cavalcante, N.R., Almeida, O.F., Walker, M.A. (2018) Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. *Fruits*, 73 (3): 191-197.
- Santos, R.M., Viana, A.P., Santos, E.A., Souza, R.M., Almeida, O.F., Gomes, V.M., Rodrigues, D.L., Santos, P.R. (2020) Genetic structuring of segregating populations of *Psidium* spp resistant to the southern root-knot nematode by Bayesian approach as basis for the guava breeding program. *Anais da Academia Brasileira de Ciências (online)*, 92 (3): 1-18.
- Serrano, L.A.L., Marinho, C.S., Ronchi, C.P., Lima, I.M., Martins, M.V.V., Tardin, F.D. (2007) Goiabeira 'Paluma' sob diferentes sistemas de cultivo, épocas e intensidades de poda de frutificação. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42 (6): 785-792.
- Silva, F.A., Correa, C.C.G., Carvalho, B.M., Viana, A.P., Preisigke, S.C., Amaral Júnior, A.T. (2021) Novel approach to the selection of *Psidium* guajava genotypes using latent traits to bypass multicollinearity. *Scientia Agricola*, 78 (2): 5-13.
- Silva, F.A., Viana, A.P., Guedes, C.C.C., Carvalho, B.M., Sousa, C.M.B. (2020) Impacto f Bayesian Inference on the Selection of *Psidium* guajava. *Scientific Reports (Nature Publisher Group)*; 10: 1999-2008.

- Silva, F.H.L., Viana, A.P., Freitas, J.C.O., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Amaral Junior, A.T. (2017) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientiarum-Agronomy*, 39: 183-190.
- Soares-Silva, L.H., Proença, C.E.B. (2008). A new species of *Psidium* L. (Myrtaceae) from southern Brazil. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 158: 51-54.
- Sousa, C.M.B., Ribeiro, R.M., Viana, A.P., Cavalcante, N.R., Silva, F.A., Ambrósio, M., Amaral Júnior, A.T. (2020) Guava breeding via full-sib family selection: conducting selection cycle and divergence between parents and families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20: 1-9.
- Sturion, J.A., Resende, M.D.V. (2010) Melhoramento genético da erva-mate. Colombo: Embrapa Florestas.
- Tuler, A.C., Carrijo, T.T., Nóia, L.R., Ferreira, A., Peixoto, A.L., Silva Ferreira, M.F. (2015) SSR markers: a tool for species identification in *Psidium* (Myrtaceae). *Mol. Biol. Rep.*, 42: 1501-1513.
- Tuler, A.C., Proença, C.E.B., Costa, I.R. *Psidium* in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB24034>>. Acesso em: 04 de janeiro de 2021.
- Upov. (1987) Guidelines for the conduct of test for distinctness, homogeneity and stability guava (*Psidium guajava* L.). Geneva, Switzerland, 29p.
- Urquí, D., Gutierrez, B., Pozo, G., Pozo, M.J., Espín, Al. (2019) *Psidium guajava* in the Galapagos Islands: Population genetics and history of an invasive species. *PLOS ONE*, 14(3).

Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. 1ª ed. Rio de Janeiro: *Interciencia*, 296p.

WCSP. (2016) World Checklist of Selected Plant Families, apps.kew.org/wcsp/. Acesso em 6 de Janeiro de 2021.

Weber, J.L. (1990). Informativeness of human (dc-da)_n (dg-dt)_n polymorphisms.

Xiao, Y., Zhou, L., Xia, W., Mason, A. S., Yang, Y., Ma, Z., Peng, M. (2014) Exploiting transcriptome data for the development and characterization of gene-based SSR markers related to cold tolerance in oil palm (*Elaeis guineensis*). *BMC Plant Biology*, 14: 384-396.

ANEXO

Tabela 1. Resultado referente ao ganho genético seguido da nova média predita para as seguintes variáveis: número de frutos (NF), peso médio de fruto (PF), comprimento de fruto (CF) e diâmetro transversal de fruto (DF). UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
1	1,82	19,49(223/4)	34,42	263,79(91/10)	18,60	92,32(242/10)	6,88	72,73(91/10)
2	1,75	19,48(114/2)	28,86	252,88(193/1)	18,54	92,27(241/10)	6,85	72,71(93/10)
3	1,72	19,47(115/2)	25,55	246,38(16/5)	18,17	91,98(91/10)	6,75	72,64(173/5)
4	1,70	19,47(184/7)	23,63	242,62(123/1)	17,87	91,75(93/10)	6,66	72,59(16/5)
5	1,68	19,46(188/7)	22,38	240,17(11/5)	16,87	90,97(123/1)	6,60	72,54(229/5)
6	1,67	19,46(81/2)	21,44	238,32(241/10)	16,15	90,41(11/5)	6,54	72,50(9/5)
7	1,66	19,46(99/4)	20,74	236,95(88/10)	15,55	89,94(88/10)	6,46	72,45(193/1)
8	1,64	19,46(113/2)	20,20	235,88(240/10)	15,01	89,52(233/5)	6,34	72,36(171/5)
9	1,61	19,45(183/7)	19,76	235,03(233/5)	14,57	89,18(86/10)	6,22	72,28(228/5)
10	1,59	19,45(204/2)	19,36	234,24(245/10)	14,19	88,88(243/10)	6,12	72,21(11/5)
11	1,55	19,44(185/7)	18,99	233,51(228/5)	13,84	88,62(36/10)	6,01	72,14(234/5)
12	1,52	19,43(106/7)	18,68	232,90(10/5)	13,53	88,37(90/10)	5,92	72,08(245/10)
13	1,50	19,43(72/7)	18,40	232,35(173/5)	13,18	88,10(228/5)	5,83	72,02(12/5)
14	1,47	19,42(105/7)	18,16	231,88(171/5)	12,87	87,86(38/10)	5,74	71,96(167/5)
15	1,45	19,42(205/2)	17,93	231,43(9/5)	12,58	87,63(47/3)	5,66	71,91(240/10)
16	1,43	19,42(71/7)	17,70	230,99(229/5)	12,32	87,43(245/10)	5,59	71,86(233/5)
17	1,41	19,41(83/2)	17,50	230,58(230/5)	12,07	87,24(193/1)	5,52	71,81(88/10)
18	1,4	19,41(8/4)	17,31	230,21(93/10)	11,83	87,05(9/5)	5,45	71,76(10/5)
19	1,38	19,41(101/4)	17,14	229,88(242/10)	11,60	86,87(240/10)	5,38	71,71(241/10)
20	1,37	19,40(73/7)	16,96	229,54(191/1)	11,38	86,70(234/5)	5,31	71,67(123/1)
21	1,35	19,40(74/7)	16,80	229,23(243/10)	11,18	86,54(92/10)	5,24	71,62(243/10)

Tabela 1 – Cont.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
22	1,33	19,40(187/7)	16,65	228,92(47/3)	10,98	86,39(191/1)	5,18	71,57(71/7)
23	1,32	19,39(199/2)	16,48	228,60(86/10)	10,80	86,25(16/5)	5,11	71,53(169/5)
24	1,30	19,39(103/7)	16,29	228,22(234/5)	10,60	86,10(173/5)	5,06	71,49(86/10)
25	1,29	19,39(79/2)	16,08	227,80(36/10)	10,41	85,95(171/5)	5,00	71,46(230/5)
26	1,28	19,39(82/2)	15,88	227,41(12/5)	10,23	85,80(235/11)	4,95	71,42(47/3)
27	1,27	19,38(84/2)	15,69	227,05(71/7)	10,06	85,67(12/5)	4,90	71,38(188/7)
28	1,25	19,38(85/2)	15,51	226,68(169/5)	9,90	85,55(49/3)	4,84	71,34(36/10)
29	1,24	19,38(94/4)	15,32	226,31(92/10)	9,75	85,43(10/5)	4,78	71,3(191/1)
30	1,23	19,38(96/4)	15,12	225,92(49/3)	9,60	85,32(89/10)	4,71	71,26(92/10)
31	1,22	19,38(3/4)	14,94	225,56(167/5)	9,47	85,21(169/5)	4,65	71,21(185/7)
32	1,21	19,37(104/7)	14,74	225,18(57/1)	9,33	85,11(244/10)	4,59	71,17(45/11)
33	1,20	19,37(224/4)	14,56	224,82(62/1)	9,21	85,01(62/1)	4,52	71,13(170/5)
34	1,19	19,37(112/2)	14,33	224,37(38/10)	9,08	84,91(229/5)	4,46	71,09(49/3)
35	1,18	19,37(111/2)	14,11	223,94(134/9)	8,97	84,82(194/1)	4,40	71,05(244/10)
36	1,17	19,37(7/4)	13,90	223,53(58/1)	8,85	84,73(57/1)	4,34	71,00(235/11)
37	1,16	19,36(189/7)	13,70	223,13(90/10)	8,75	84,65(201/2)	4,28	70,96(183/7)
38	1,15	19,36(201/2)	13,49	222,73(170/5)	8,64	84,57(37/10)	4,22	70,92(242/10)
39	1,15	19,36(203/2)	13,30	222,35(194/1)	8,53	84,48(170/5)	4,16	70,88(57/1)
40	1,14	19,36(222/4)	13,11	221,98(37/10)	8,40	84,38(148/11)	4,10	70,84(134/9)
41	1,13	19,36(116/2)	12,93	221,62(201/2)	8,26	84,27(58/1)	4,05	70,81(104/7)
42	1,12	19,36(108/7)	12,73	221,22(41/11)	8,12	84,16(45/11)	3,99	70,77(144/11)
43	1,11	19,35(110/2)	12,53	220,84(244/10)	7,99	84,06(167/5)	3,94	70,73(149/11)
44	1,10	19,35(1/4)	12,33	220,45(45/11)	7,86	83,96(134/9)	3,89	70,70(38/10)
45	1,09	19,35(98/4)	12,13	220,05(188/7)	7,73	83,86(144/11)	3,84	70,66(41/11)

Tabela 1 – Cont.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
46	1,08	19,35(100/4)	11,93	219,67(104/7)	7,61	83,76	3,79	70,63(194/1)
47	1,07	19,35(95/4)	11,74	219,29(235/11)	7,49	83,67(82/2)	3,74	70,59(62/1)
48	1,06	19,34(129/8)	11,54	218,90(178/3)	7,35	83,56(48/3)	3,69	70,56(108/7)
49	1,04	19,34(93/10)	11,35	218,52(212/6)	7,22	83,46(83/2)	3,64	70,53(90/10)
50	1,03	19,34(130/8)	11,15	218,13(144/11)	7,09	83,36(205/2)	3,59	70,49(184/7)
51	1,01	19,34(21/8)	10,96	217,76(48/3)	6,96	83,26(185/7)	3,54	70,46(73/7)
52	1,00	19,33(229/5)	10,78	217,40(89/10)	6,84	83,17(126/8)	3,49	70,43(103/7)
53	0,98	19,33(234/5)	10,59	217,03(148/11)	6,72	83,07(41/11)	3,45	70,40(32/9)
54	0,96	19,33(20/8)	10,40	216,65(179/3)	6,61	82,98(71/7)	3,40	70,37(37/10)
55	0,95	19,32(47/3)	10,21	216,28(174/3)	6,49	82,89(32/9)	3,35	70,33(58/1)
56	0,93	19,32(126/8)	10,01	215,90(185/7)	6,38	82,80(212/6)	3,31	70,30(48/3)
57	0,91	19,32(19/8)	9,82	215,53(32/9)	6,27	82,72(204/2)	3,26	70,27(148/11)
58	0,90	19,31(178/3)	9,64	215,16(149/11)	6,16	82,63(112/2)	3,22	70,24(89/10)
59	0,88	19,31(235/11)	9,45	214,80(145/11)	6,05	82,55(179/3)	3,17	70,21(201/2)
60	0,87	19,31(49/3)	9,28	214,45(70/6)	5,94	82,46(230/5)	3,13	70,18(145/11)
61	0,85	19,30(181/8)	9,10	214,11(108/7)	5,83	82,38(219/9)	3,09	70,15(39/11)
62	0,84	19,30(17/8)	8,93	213,77(142/11)	5,73	82,30(115/2)	3,05	70,12(146/11)
63	0,82	19,30(12/5)	8,76	213,44(213/6)	5,63	82,22(149/11)	3,00	70,09(106/7)
64	0,81	19,30(182/8)	8,59	213,11(83/2)	5,52	82,14(116/2)	2,96	70,06(212/6)
65	0,79	19,29(48/3)	8,43	212,79(219/9)	5,41	82,06(183/7)	2,92	70,04(72/7)
66	0,77	19,29(174/3)	8,27	212,48(183/7)	5,31	81,98(72/7)	2,87	70,01(105/7)
67	0,76	19,29(45/11)	8,11	212,17(146/11)	5,21	81,90(145/11)	2,83	69,98(179/3)
68	0,74	19,28(243/10)	7,96	211,87(116/2)	5,11	81,82(106/7)	2,79	69,95(142/11)
69	0,73	19,28(149/11)	7,81	211,57(103/7)	5,01	81,74(247/10)	2,75	69,92(174/3)

Tabela 1 – Cont.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
70	0,71	19,28(179/3)	7,66	211,27(73/7)	4,91	81,66(238/11)	2,70	69,89(204/2)
71	0,70	19,28(233/5)	7,51	210,98(184/7)	4,81	81,59(213/6)	2,66	69,86(219/9)
72	0,68	19,27(11/5)	7,36	210,69(82/2)	4,72	81,51(174/3)	2,61	69,83(238/11)
73	0,67	19,27(146/11)	7,21	210,40(238/11)	4,63	81,44(70/6)	2,57	69,80(83/2)
74	0,66	19,27(242/10)	7,07	210,11(207/6)	4,53	81,37(207/6)	2,52	69,77(187/7)
75	0,64	19,26(36/10)	6,92	209,83(114/2)	4,44	81,3(188/7)	2,48	69,74(178/3)
76	0,63	19,26(169/5)	6,77	209,54(39/11)	4,35	81,23(104/7)	2,43	69,71(237/11)
77	0,62	19,26(37/10)	6,62	209,25(72/7)	4,26	81,16(85/2)	2,39	69,68(82/2)
78	0,60	19,26(191/1)	6,48	208,96(204/2)	4,18	81,09(146/11)	2,34	69,65(74/7)
79	0,59	19,25(170/5)	6,33	208,67(247/10)	4,09	81,02(113/2)	2,30	69,61(116/2)
80	0,58	19,25(9/5)	6,19	208,39(187/7)	4,00	80,96(81/2)	2,25	69,58(213/6)
81	0,57	19,25(167/5)	6,05	208,11(113/2)	3,92	80,89(110/2)	2,20	69,55(70/6)
82	0,55	19,25(171/5)	5,91	207,84(106/7)	3,83	80,82(237/11)	2,16	69,52(114/2)
83	0,54	19,25(90/10)	5,77	207,56(105/7)	3,74	80,76(178/3)	2,11	69,49(205/2)
84	0,53	19,24(10/5)	5,63	207,29(112/2)	3,66	80,69(142/11)	2,07	69,46(189/7)
85	0,52	19,24(173/5)	5,49	207,02(237/11)	3,57	80,62(98/4)	2,02	69,42(115/2)
86	0,51	19,24(16/5)	5,35	206,75(205/2)	3,48	80,55(39/11)	1,97	69,39(207/6)
87	0,50	19,24(41/11)	5,21	206,48(74/7)	3,40	80,48(184/7)	1,92	69,36(112/2)
88	0,49	19,23(89/10)	5,06	206,18(126/8)	3,31	80,42(73/7)	1,87	69,32(113/2)
89	0,47	19,23(38/10)	4,92	205,89(84/2)	3,22	80,35(199/2)	1,82	69,29(81/2)
90	0,46	19,23(142/11)	4,77	205,60(189/7)	3,14	80,28(103/7)	1,77	69,25(19/8)
91	0,45	19,23(39/11)	4,62	205,31(98/4)	3,05	80,22(105/7)	1,72	69,22(181/8)
92	0,44	19,23(144/11)	4,48	205,03(85/2)	2,96	80,15(182/8)	1,67	69,19(137/9)
93	0,43	19,22(148/11)	4,33	204,75(115/2)	2,88	80,08(100/4)	1,62	69,16(247/10)

Tabela 1 – Cont.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
94	0,42	19,22(134/9)	4,19	204,48(19/8)	2,79	80,01(7/4)	1,58	69,12(84/2)
95	0,41	19,22(241/10)	4,06	204,20(110/2)	2,70	79,94(79/2)	1,53	69,09(110/2)
96	0,40	19,22(145/11)	3,92	203,94(81/2)	2,61	79,87(203/2)	1,48	69,06(21/8)
97	0,39	19,22(32/9)	3,78	203,67(137/9)	2,52	79,81(84/2)	1,43	69,03(141/9)
98	0,38	19,21(228/5)	3,64	203,39(141/9)	2,43	79,74(223/4)	1,38	68,99(126/8)
99	0,37	19,21(230/5)	3,5	203,12(100/4)	2,35	79,67(111/2)	1,34	68,96(100/4)
100	0,36	19,21(240/10)	3,37	202,85(199/2)	2,26	79,60(19/8)	1,29	68,93(79/2)
101	0,35	19,21(244/10)	3,23	202,58(79/2)	2,17	79,53(99/4)	1,24	68,90(85/2)
102	0,34	19,21(86/10)	3,09	202,32(129/8)	2,08	79,46(3/4)	1,19	68,86(98/4)
103	0,33	19,21(88/10)	2,95	202,04(181/8)	2,00	79,40(187/7)	1,15	68,83(199/2)
104	0,32	19,20(58/1)	2,81	201,76(203/2)	1,91	79,33(74/7)	1,10	68,80(182/8)
105	0,31	19,20(62/1)	2,67	201,48(7/4)	1,83	79,27(1/4)	1,05	68,76(7/4)
106	0,31	19,20(245/10)	2,53	201,20(182/8)	1,75	79,20(137/9)	0,99	68,73(20/8)
107	0,30	19,20(247/10)	2,38	200,91(111/2)	1,66	79,14(108/7)	0,94	68,69(223/4)
108	0,29	19,20(237/11)	2,23	200,62(223/4)	1,58	79,07(224/4)	0,89	68,66(203/2)
109	0,28	19,20(91/10)	2,08	200,33(20/8)	1,50	79,01(129/8)	0,84	68,63(129/8)
110	0,27	19,19(92/10)	1,93	200,04(21/8)	1,41	78,94(141/9)	0,79	68,59(111/2)
111	0,26	19,19(141/9)	1,79	199,75(224/4)	1,32	78,87(181/8)	0,74	68,55(130/8)
112	0,25	19,19(70/6)	1,63	199,45(99/4)	1,24	78,80(95/4)	0,68	68,52(96/4)
113	0,25	19,19(137/9)	1,48	199,15(96/4)	1,15	78,74(222/4)	0,63	68,48(1/4)
114	0,24	19,19(123/1)	1,33	198,85(1/4)	1,06	78,67(21/8)	0,57	68,44(99/4)
115	0,23	19,19(57/1)	1,17	198,54(101/4)	0,98	78,60(101/4)	0,52	68,40(224/4)
116	0,22	19,18(219/9)	1,02	198,24(130/8)	0,89	78,53(96/4)	0,46	68,37(95/4)
117	0,21	19,18(238/11)	0,86	197,93(3/4)	0,81	78,47(189/7)	0,41	68,33(8/4)

Tabela 1 – Cont.

Ord	NF		PF		CF		DF	
	Ganho (%)	Nova média						
118	0,20	19,18(194/1)	0,69	197,61(222/4)	0,72	78,40(20/8)	0,35	68,29(94/4)
119	0,19	19,18(207/6)	0,53	197,29(8/4)	0,63	78,33(8/4)	0,29	68,25(3/4)
120	0,18	19,18(213/6)	0,37	196,97(17/8)	0,54	78,26(94/4)	0,24	68,21(222/4)
121	0,18	19,18(193/1)	0,21	196,65(95/4)	0,43	78,18(17/8)	0,18	68,17(101/4)
122	0,17	19,17(212/6)	0,04	196,33(94/4)	0,33	78,10(130/8)	0,12	68,13(17/8)
Média geral		19,14		196,25		77,84		68,05

Ord= ordenamento. Entre parênteses: Indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados.

Tabela 2. Resultado referente ao ganho genético seguido da nova média predita para as seguintes variáveis: espessura de casca (EC), massa fresca de placenta (MP), peso de polpa (PP) e produção total (PT). UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
1	20,02	2,98(83/2)	36,19	215,51(91/10)	38,45	49,77(91/10)	0,46	3795,55(188/7)
2	19,65	2,97(170/5)	35,05	213,71(93/10)	35,71	48,79(148/11)	0,42	3794,15(184/7)
3	19,50	2,97(233/5)	30,54	206,58(193/1)	31,89	47,41(93/10)	0,40	3793,23(93/10)
4	19,29	2,96(74/7)	28,23	202,92(173/5)	29,89	46,69(193/1)	0,39	3792,73(183/7)
5	19,11	2,96(114/2)	26,76	200,59(245/10)	28,56	46,22(45/11)	0,38	3792,42(71/7)
6	18,96	2,95(16/5)	25,74	198,98(9/5)	27,28	45,75(41/11)	0,37	3792,19(114/2)
7	18,84	2,95(185/7)	24,86	197,59(241/10)	26,09	45,32(123/1)	0,36	3791,90(185/7)
8	18,63	2,94(234/5)	24,12	196,42(88/10)	25,15	44,99(71/7)	0,35	3791,56(113/2)
9	18,44	2,94(62/1)	23,50	195,43(11/5)	24,10	44,61(230/5)	0,35	3791,27(72/7)
10	18,23	2,93(9/5)	22,98	194,62(16/5)	23,17	44,28(241/10)	0,34	3791,02(229/5)
11	18,03	2,93(193/1)	22,52	193,89(229/5)	22,40	44,00(173/5)	0,33	3790,81(106/7)
12	17,79	2,92(48/3)	22,11	193,24(240/10)	21,75	43,76(72/7)	0,33	3790,61(115/2)
13	17,59	2,92(229/5)	21,76	192,69(233/5)	21,18	43,56(245/10)	0,33	3790,44(105/7)
14	17,41	2,91(169/5)	21,37	192,06(123/1)	20,69	43,38(16/5)	0,32	3790,28(73/7)
15	17,15	2,91(184/7)	21,00	191,49(10/5)	20,21	43,21(235/11)	0,32	3790,10(81/2)
16	16,92	2,90(11/5)	20,64	190,91(86/10)	19,76	43,05(194/1)	0,31	3789,93(74/7)
17	16,71	2,90(84/2)	20,31	190,39(228/5)	19,34	42,90(191/1)	0,31	3789,78(103/7)
18	16,50	2,89(178/3)	20,00	189,90(243/10)	18,95	42,76(144/11)	0,30	3789,64(187/7)
19	16,29	2,89(73/7)	19,71	189,44(62/1)	18,59	42,63(233/5)	0,30	3789,51(104/7)
20	16,09	2,88(191/1)	19,44	189,01(12/5)	18,24	42,50(88/10)	0,30	3789,39(234/5)
21	15,89	2,88(167/5)	19,19	188,61(242/10)	17,92	42,39(171/5)	0,29	3789,28(204/2)
22	15,71	2,87(85/2)	18,95	188,23(36/10)	17,63	42,28(11/5)	0,29	3789,13(83/2)

Tabela 2 – Cont.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
23	15,54	2,87(201/2)	18,71	187,86(234/5)	17,36	42,19(10/5)	0,29	3788,98(108/7)
24	15,39	2,86(204/2)	18,49	187,51(171/5)	17,09	42,09(58/1)	0,28	3788,84(189/7)
25	15,24	2,86(230/5)	18,29	187,19(230/5)	16,82	41,99(62/1)	0,28	3788,69(205/2)
26	15,10	2,86(171/5)	18,10	186,89(71/7)	16,56	41,90(9/5)	0,27	3788,51(82/2)
27	14,96	2,85(173/5)	17,92	186,61(169/5)	16,32	41,81(142/11)	0,27	3788,34(12/5)
28	14,84	2,85(93/10)	17,69	186,25(47/3)	16,08	41,73(229/5)	0,27	3788,17(233/5)
29	14,71	2,85(110/2)	17,47	185,89(191/1)	15,85	41,64(149/11)	0,26	3788,02(84/2)
30	14,59	2,84(113/2)	17,25	185,55(167/5)	15,62	41,56(185/7)	0,26	3787,87(201/2)
31	14,47	2,84(130/8)	17,04	185,21(38/10)	17,04	185,21(38/10)	0,25	3787,72(85/2)
32	14,36	2,84(106/7)	16,83	184,88(92/10)	16,83	184,88(92/10)	0,25	3787,59(79/2)
33	14,23	2,84(57/1)	16,60	184,51(235/11)	16,60	184,51(235/11)	0,25	3787,45(223/4)
34	14,12	2,83(72/7)	16,37	184,15(185/7)	16,37	184,15(185/7)	0,24	3787,33(112/2)
35	14,00	2,83(116/2)	16,15	183,8(134/9)	16,15	183,8(134/9)	0,24	3787,21(11/5)
36	13,88	2,83(12/5)	15,93	183,46(201/2)	15,93	183,46(201/2)	0,24	3787,09(199/2)
37	13,76	2,82(188/7)	15,72	183,12(37/10)	15,72	183,12(37/10)	0,23	3786,98(243/10)
38	13,62	2,82(108/7)	15,51	182,79(45/11)	15,51	182,79(45/11)	0,23	3786,87(116/2)
39	13,49	2,82(243/10)	15,31	182,47(90/10)	15,31	182,47(90/10)	0,23	3786,76(242/10)
40	13,35	2,81(105/7)	15,11	182,16(188/7)	15,11	182,16(188/7)	0,22	3786,64(111/2)
41	13,22	2,81(199/2)	14,92	181,86(244/10)	14,92	181,86(244/10)	0,22	3786,53(47/3)
42	13,08	2,81(71/7)	14,74	181,57(49/3)	14,74	181,57(49/3)	0,22	3786,42(110/2)
43	12,94	2,80(49/3)	14,56	181,30(170/5)	14,56	181,30(170/5)	0,22	3786,31(9/5)
44	12,81	2,80(115/2)	14,37	180,98(57/1)	14,37	180,98(57/1)	0,21	3786,21(36/10)
45	12,68	2,80(205/2)	14,16	180,66(41/11)	14,16	180,66(41/11)	0,21	3786,11(171/5)
46	12,55	2,79(81/2)	13,94	180,31(144/11)	13,94	180,31(144/11)	0,21	3786,01(16/5)

Tabela 2 – Cont.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
47	12,43	2,79(228/5)	13,73	179,98(194/1)	13,73	179,98(194/1)	0,21	3785,92(10/5)
48	12,30	2,79(189/7)	13,52	179,64(89/10)	13,52	179,64(89/10)	0,20	3785,83(203/2)
49	12,17	2,78(58/1)	13,31	179,31(183/7)	13,31	179,31(183/7)	0,20	3785,74(169/5)
50	12,05	2,78(103/7)	13,11	178,99(149/11)	13,11	178,99(149/11)	0,20	3785,66(173/5)
51	11,93	2,78(10/5)	12,91	178,67(184/7)	12,91	178,67(184/7)	0,20	3785,57(91/10)
52	11,81	2,77(241/10)	12,71	178,36(212/6)	12,71	178,36(212/6)	0,19	3785,48(167/5)
53	11,68	2,77(104/7)	12,51	178,05(148/11)	12,51	178,05(148/11)	0,19	3785,40(99/4)
54	11,56	2,77(82/2)	12,32	177,74(58/1)	12,32	177,74(58/1)	0,19	3785,31(170/5)
55	11,43	2,77(179/3)	12,12	177,42(106/7)	12,12	177,42(106/7)	0,19	3785,23(90/10)
56	11,31	2,76(183/7)	11,92	177,11(83/2)	11,92	177,11(83/2)	0,19	3785,15(241/10)
57	11,17	2,76(112/2)	11,72	176,80(73/7)	11,72	176,80(73/7)	0,18	3785,07(235/11)
58	11,02	2,76(111/2)	11,53	176,49(108/7)	11,53	176,49(108/7)	0,18	3784,99(37/10)
59	10,86	2,75(187/7)	11,34	176,19(116/2)	11,34	176,19(116/2)	0,18	3784,91(228/5)
60	10,69	2,75(123/1)	11,15	175,89(104/7)	11,15	175,89(104/7)	0,18	3784,84(230/5)
61	10,52	2,74(245/10)	10,97	175,61(32/9)	10,97	175,61(32/9)	0,17	3784,76(49/3)
62	10,35	2,74(194/1)	10,79	175,32(72/7)	10,79	175,32(72/7)	0,17	3784,68(88/10)
63	10,19	2,73(126/8)	10,61	175,03(145/11)	10,61	175,03(145/11)	0,17	3784,61(38/10)
64	10,03	2,73(91/10)	10,43	174,75(48/3)	10,43	174,75(48/3)	0,17	3784,53(240/10)
65	9,88	2,73(45/11)	10,25	174,46(179/3)	10,25	174,46(179/3)	0,17	3784,46(86/10)
66	9,72	2,72(21/8)	10,07	174,19(146/11)	10,07	174,19(146/11)	0,16	3784,38(89/10)
67	9,56	2,72(203/2)	9,91	173,92(178/3)	9,91	173,92(178/3)	0,16	3784,31(245/10)
68	9,40	2,72(89/10)	9,74	173,66(105/7)	9,74	173,66(105/7)	0,16	3784,24(92/10)
69	9,24	2,71(174/3)	9,57	173,40(204/2)	9,57	173,40(204/2)	0,16	3784,16(178/3)
70	9,08	2,71(7/4)	9,41	173,14(142/11)	9,41	173,14(142/11)	0,16	3784,08(191/1)

Tabela 2 – Cont.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
71	8,92	2,70(240/10)	9,25	172,89(103/7)	9,25	172,89(103/7)	0,15	3784,00(244/10)
72	8,76	2,70(19/8)	9,10	172,65(213/6)	9,10	172,65(213/6)	0,15	3783,91(48/3)
73	8,60	2,70(244/10)	8,94	172,40(114/2)	8,94	172,40(114/2)	0,15	3783,83(45/11)
74	8,44	2,69(96/4)	8,79	172,16(219/9)	8,79	172,16(219/9)	0,15	3783,74(247/10)
75	8,29	2,69(235/11)	8,64	171,92(174/3)	8,64	171,92(174/3)	0,15	3783,65(101/4)
76	8,13	2,68(88/10)	8,49	171,68(238/11)	8,49	171,68(238/11)	0,14	3783,56(129/8)
77	7,98	2,68(90/10)	8,34	171,44(82/2)	8,34	171,44(82/2)	0,14	3783,47(174/3)
78	7,83	2,68(86/10)	8,19	171,21(247/10)	8,19	171,21(247/10)	0,14	3783,39(8/4)
79	7,68	2,67(134/9)	8,04	170,97(70/6)	8,04	170,97(70/6)	0,14	3783,30(149/11)
80	7,53	2,67(182/8)	7,88	170,72(39/11)	7,88	170,72(39/11)	0,13	3783,21(96/4)
81	7,37	2,66(38/10)	7,73	170,48(205/2)	7,73	170,48(205/2)	0,13	3783,12(179/3)
82	7,22	2,66(37/10)	7,57	170,22(187/7)	7,57	170,22(187/7)	0,13	3783,04(3/4)
83	7,06	2,66(223/4)	7,41	169,97(237/11)	7,41	169,97(237/11)	0,13	3782,95(224/4)
84	6,91	2,65(242/10)	7,25	169,72(112/2)	7,25	169,72(112/2)	0,12	3782,86(146/11)
85	6,77	2,65(219/9)	7,09	169,47(115/2)	7,09	169,47(115/2)	0,12	3782,78(7/4)
86	6,62	2,65(92/10)	6,94	169,23(207/6)	6,94	169,23(207/6)	0,12	3782,69(41/11)
87	6,48	2,64(47/3)	6,77	168,97(113/2)	6,77	168,97(113/2)	0,12	3782,61(94/4)
88	6,33	2,64(20/8)	6,62	168,72(189/7)	6,62	168,72(189/7)	0,12	3782,53(123/1)
89	6,19	2,64(94/4)	6,46	168,47(74/7)	6,46	168,47(74/7)	0,11	3782,45(62/1)
90	6,04	2,63(247/10)	6,30	168,22(81/2)	6,30	168,22(81/2)	0,11	3782,37(98/4)
91	5,90	2,63(129/8)	6,14	167,97(84/2)	6,14	167,97(84/2)	0,11	3782,29(58/1)
92	5,75	2,62(32/9)	5,98	167,71(110/2)	5,98	167,71(110/2)	0,11	3782,20(100/4)
93	5,59	2,62(3/4)	5,81	167,44(85/2)	5,81	167,44(85/2)	0,11	3782,12(193/1)
94	5,45	2,62(39/11)	5,65	167,18(79/2)	5,65	167,18(79/2)	0,10	3782,04(144/11)

Tabela 2 – Cont.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
95	5,30	2,61(181/8)	5,48	166,92(98/4)	5,48	166,92(98/4)	0,10	3781,97(1/4)
96	5,15	2,61(79/2)	5,31	166,65(137/9)	5,31	166,65(137/9)	0,10	3781,89(148/11)
97	5,00	2,61(207/6)	5,14	166,39(141/9)	5,14	166,39(141/9)	0,10	3781,81(142/11)
98	4,86	2,60(212/6)	4,98	166,12(199/2)	4,98	166,12(199/2)	0,09	3781,74(222/4)
99	4,72	2,60(95/4)	4,80	165,84(7/4)	4,80	165,84(7/4)	0,09	3781,66(39/11)
100	4,58	2,60(145/11)	4,62	165,56(100/4)	4,62	165,56(100/4)	0,09	3781,59(134/9)
101	4,44	2,59(36/10)	4,45	165,29(203/2)	4,45	165,29(203/2)	0,09	3781,51(145/11)
102	4,29	2,59(148/11)	4,27	165,00(126/8)	4,27	165,00(126/8)	0,09	3781,44(57/1)
103	4,15	2,59(98/4)	4,09	164,72(111/2)	4,09	164,72(111/2)	0,09	3781,37(126/8)
104	4,01	2,58(144/11)	3,91	164,44(19/8)	3,91	164,44(19/8)	0,08	3781,30(21/8)
105	3,88	2,58(149/11)	3,74	164,16(223/4)	3,74	164,16(223/4)	0,08	3781,22(95/4)
106	3,73	2,57(70/6)	3,56	163,88(181/8)	3,56	163,88(181/8)	0,08	3781,15(130/8)
107	3,60	2,57(17/8)	3,37	163,58(96/4)	3,37	163,58(96/4)	0,08	3781,08(194/1)
108	3,46	2,57(100/4)	3,19	163,30(21/8)	3,19	163,30(21/8)	0,08	3781,01(20/8)
109	3,31	2,56(238/11)	3,01	163,02(182/8)	3,01	163,02(182/8)	0,07	3780,94(19/8)
110	3,17	2,56(99/4)	2,83	162,72(129/8)	2,83	162,72(129/8)	0,07	3780,86(32/9)
111	3,02	2,56(142/11)	2,64	162,42(99/4)	2,64	162,42(99/4)	0,07	3780,79(237/11)
112	2,88	2,55(146/11)	2,46	162,13(224/4)	2,46	162,13(224/4)	0,07	3780,71(181/8)
113	2,73	2,55(224/4)	2,27	161,84(1/4)	2,27	161,84(1/4)	0,07	3780,63(238/11)
114	2,59	2,55(101/4)	2,09	161,55(20/8)	2,09	161,55(20/8)	0,06	3780,55(17/8)
115	2,45	2,54(237/11)	1,90	161,25(222/4)	1,90	161,25(222/4)	0,06	3780,46(182/8)
116	2,30	2,54(141/9)	1,71	160,95(130/8)	1,71	160,95(130/8)	0,06	3780,38(141/9)
117	2,15	2,54(1/4)	1,53	160,66(94/4)	1,53	160,66(94/4)	0,06	3780,30(137/9)
118	1,98	2,53(213/6)	1,34	160,37(8/4)	1,34	160,37(8/4)	0,05	3780,22(219/9)

Tabela 2 – Cont.

Ord	EC		MP		PP		PT	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
119	1,81	2,53(222/4)	1,16	160,08(3/4)	1,16	160,08(3/4)	0,05	3780,13(70/6)
120	1,65	2,52(41/11)	0,97	159,79(101/4)	0,97	159,79(101/4)	0,05	3780,04(212/6)
121	1,48	2,52(8/4)	0,79	159,49(95/4)	0,79	159,49(95/4)	0,05	3779,95(213/6)
122	1,31	2,51(137/9)	0,59	159,17(17/8)	0,59	159,17(17/8)	0,05	3779,86(207/6)
Média geral		2,48		158,25		158,25		3778,16

Ord= ordenamento. Entre parênteses: Indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados.