

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS E RESISTÊNCIA AO  
*Meloidogyne enterolobii* EM *Psidium* spp.

**ODIMAR FERREIRA DE ALMEIDA**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2017

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS E RESISTÊNCIA AO  
*Meloidogyne enterolobii* EM *Psidium* spp.

**ODIMAR FERREIRA DE ALMEIDA**

“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  
MARÇO - 2017

## FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCH / UENF

056/2017

A447 Almeida, Odimar Ferreira de.

Cruzamentos interespecíficos e resistência ao *Meloidogyne enterolobii* em *Psidium* spp. / Odimar Ferreira de Almeida – Campos dos Goytacazes, RJ, 2017.

63 f. : il.

Bibliografia: f. 42 - 50.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2017.

Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Goiabeira. 2. Hibridação Interespecífica. 3. Nematóide da Galha. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD – 634.421

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS E RESISTÊNCIA AO  
*Meloidogyne enterolobii* EM *Psidium* spp.

**ODIMAR FERREIRA DE ALMEIDA**

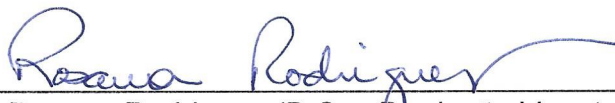
“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 23 de março de 2017.

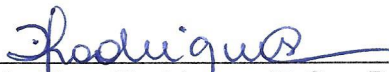
Comissão Examinadora:



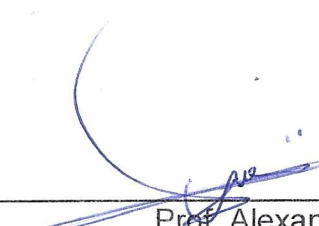
Prof. Vicente Martins Gomes (D.Sc., Produção Vegetal) – IFF



Prof.<sup>a</sup> Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF



Dr.<sup>a</sup> Daniele Lima Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



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

Aos meus pais Odon (*in memoriam*) e Adinamar  
À minha esposa Samara e à minha filha Catarina  
Aos amigos que fiz durante minha jornada

Dedico

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, pelo dom da vida;

Aos meus pais Odon e Adinamar, que dedicaram sua vida a educar seus filhos da melhor maneira possível;

À minha esposa Samara, pelo apoio dado durante todo período de graduação e pós-graduação e por ter dado à luz a maior dádiva da minha vida, minha filha Catarina;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense, pela estrutura oferecida para a realização deste trabalho;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo conhecimento ofertado durante o curso;

Ao meu orientador Alexandre Pio Viana, pelo suporte, disponibilidade e comprometimento com a formação aqui obtida;

Ao Dr. Vicente Martins Gomes, pela idealização e início de todo o trabalho desenvolvido nesta dissertação;

Aos Pós-Doutorandos Dr<sup>a</sup> Daniele, Dr<sup>a</sup> Eileen e Dr. Rodrigo, que deram suporte ao desenvolvimento do trabalho;

À Capes, pela concessão da bolsa;

À Faperj, pelo fomento à pesquisa;

Aos meus colegas de laboratório Paulo, Sandra, Misael, Natan, Flavia, Caio, Raiane, Gessica, Beatriz, Moisés, Valquíria, Nardélio, Wandreila e Claudia, que se

fizeram presentes em todos os momentos, tanto nas atividades de trabalho como nos momentos de lazer;

Aos colegas do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, que interagiram e auxiliaram nos trabalhos de campo;

Ao secretário do programa, Daniel, pela sua eficiência e comprometimento, que resultam no funcionamento do Programa;

Aos colegas de república Gaspar, Maria, Derlaine e Lucas, que proporcionaram excelentes parcerias;

Aos meus amigos Leandro, Victor, José Victor, Danilo, Renato, Marco, Bruno Pamela, Pauliane e Maryah, que estiveram presentes nos momentos mais felizes da vida e me deram apoio para realização deste mestrado;

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Procedimento de emasculação de flores femininas de *Psidium* spp. para polinização manual. Botão floral com cálice rompido em estágio de pré-antese (A); Remoção de estruturas externa do botão floral (B); Remoção de anteras, emasculação propriamente dita (C); Estigma receptivo pronto para receber o pólen (D); Botão ensacado para proteção contra contaminação (E); Fruto fisiologicamente maduro com identificação dos parentais (F)..... 14
- Figura 2.** Condução de progênies de *Psidium* spp. em casa de vegetação. Distribuição de sementes para germinação em bandejas de isopor de 128 células (A); Mudas em tubetes após transplântio (B); Plântula recém-emergente (C); Mudas em tubetes com identificações individuais (D); Mudas em vasos prontas para inoculação de *Meloidogyne enterolobii* (E)..... 15
- Figura 3.** Esquema de duas situações possíveis para condução do programa de melhoramento da goiabeira, visando à resistência ao *M. enterolobii* de acordo com os níveis de ploidia.....26
- Figura 4.** Expressão gráfica da função de probabilidade logaritmica (log-verossimilhança) para a determinação do número de grupos. ....30
- Figura 5.** Gráfico de dispersão dos grupos em função das variáveis canônicas obtidas pelo procedimento Ward-MLM. ....39



## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Código das progênies e suas respectivas espécies usadas como parentais para obtenção de híbridos interespecíficos. .... 13
- Tabela 2.** Quatorze descritores recomendados para a cultura da goiaba usados para avaliação da diversidade genética de acordo com documento da União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas UPOV. .... 17
- Tabela 3.** Total de cruzamentos por progênies e seus respectivos números de cruzamentos, sucessos de cruzamento, número de frutos, número de sementes e taxa de germinação. .... 24
- Tabela 4.** Classificação geral de progênies de *Psidium* de acordo com as características de descritores morfológicos com base no documento da UPOV. .... 28
- Tabela 5.** Número de grupos formados pelo método Ward-MLM, com base na função logarítmica de probabilidade (log-verossimilhança) e o incremento. ... 30
- Tabela 6.** Composição de cada grupo formado pelo Ward-MLM com genótipos de progênies interespecíficas de *Psidium*. .... 31
- Tabela 7.** Distribuição dos genótipos de *Psidium* em cada grupo formado pelo método Ward-MLM e o total de genótipos dentro de cada grupo. .... 31
- Tabela 8.** Distribuição da frequência dos genótipos de cada grupo para as características de quatorze descritores, segundo documento da UPOV. .... 33
- Tabela 9.** Média e desvio-padrão das variáveis quantitativas dos quatro grupos formados pelo procedimento Ward-MLM. .... 36
- Tabela 10.** Coeficientes de correlações entre as duas primeiras variáveis canônicas formadas pelo procedimento Ward-MLM. .... 37

<b>Tabela 11.</b> Separação dos grupos pelo procedimento Ward-MLM, tendo como base a Distância de Mahalanobis.....	38
<b>Tabela 12A.</b> Genótipos de Psidium e suas progênes avaliados para estudo de diversidade genética.....	52

## SUMÁRIO

RESUMO .....	X
ABSTRACT .....	XII
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	3
2.1. Geral.....	3
2.2. Específicos .....	3
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	4
3.1. Aspectos gerais da cultura da goiaba.....	4
3.2. <i>Meloidogyne enterolobii</i> .....	6
3.3. Declínio da goiabeira .....	7
3.4. Melhoramento genético visando à resistência ao <i>M. enterolobii</i> .....	8
3.4.1. Diversidade Genética.....	10
3.5. Banco de germoplasma da UENF .....	11
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	12
4.1. Localização.....	12
4.2. Material Genético.....	12
4.4. Semeio e condução .....	15
4.5. Procedimentos de inoculação.....	16
4.6. Diversidade genética .....	16
4.6.1. Variáveis qualitativas .....	16
4.6.2. Variáveis quantitativas.....	20
4.6.3. Análise multivariada.....	21

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	23
5.1. Cruzamentos interespecíficos.....	23
5.2. Caracterização geral das populações.....	26
5.3. Agrupamento .....	29
5.4. Caracterização de grupos.....	30
5.6. Correlação canônica .....	37
5.7. Distância entre grupos .....	38
6. CONCLUSÕES.....	41
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	42
APÊNDICE.....	51

## RESUMO

ALMEIDA, Odimar Ferreira de. Eng. Agrônomo, M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março de 2017. Cruzamentos interespecíficos e resistência ao *Meloidogyne enterolobii* em *Psidium* spp. Orientador: Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Prof.<sup>a</sup> Rosana Rodrigues e Prof. Vicente Martins Gomes.

A goiaba (*Psidium guajava* L.) é uma importante cultura na produção mundial de frutos, estando distribuída nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. O nematoide *Meloidogyne enterolobii*, associado ao fungo *Fusarium solani*, ameaça o cultivo da goiabeira. O objetivo deste trabalho foi obter híbridos de *Psidium* resistentes ao *M. enterolobii* para estimação da diversidade genética. O experimento teve início em 2015 com o cruzamento entre as espécies *P. cattleianum*, *P. guineense* e *P. guajava*. Os híbridos foram manejados e as avaliações conduzidas em casa de vegetação da Unidade de Apoio à Pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Foram feitos, no total, 696 cruzamentos, todos eles tendo o *P. cattleianum* como doador de genes de resistência. Em cada genótipo da geração H<sub>1</sub>, foi inoculada uma suspensão com 1.000 espécimes de *M. enterolobii*. Foram avaliados o fator de reprodução, número de folhas, altura de planta, massa fresca de parte aérea, massa fresca de raiz e volume de raiz, além de 14 descritores morfológicos multicategóricos, segundo documento da UPOV. A distância entre os genótipos foi estimada pela estratégia Ward-MLM. O maior sucesso de cruzamentos foi percebido entre *P. cattleianum* e *P. guajava*. As maiores taxas de germinação foram observadas entre os cruzamentos envolvendo *P. guajava* e *P. cattleianum*. No total, 885 genótipos foram

avaliados no estudo da diversidade genética. Foram formados quatro grupos com base no maior incremento no valor de log-verossimilhança da função logarítmica de verossimilhança. O grupo I foi composto por genótipos de todas as progênies estudadas, enquanto o grupo II agrupou genótipos de três das cinco progênies avaliadas, tendo esse grupo apresentado também a maior média de fator de reprodução. O grupo III agrupou genótipos de três progênies, sendo uma progênie diferente das progênies agrupadas no grupo II. O grupo IV agrupou genótipos de apenas uma progênie, sendo este o grupo com a menor média de fator de reprodução. As variáveis canônicas 1 e 2 foram capazes de explicar 95,21% da variação total das variáveis quantitativas. A variável canônica 1 apresentou alta correlação positiva com o fator de reprodução e alta correlação negativa com a massa fresca de raiz e volume de raiz. A distância estimada entre grupos mostra que os grupos II e IV foram os mais divergentes, enquanto os grupos I e III foram os mais similares.

Palavras-chave: Goiabeira; Hibridação interespecífica; Declínio da goiabeira; Nematóide das galhas; Ward-MLM.

## ABSTRACT

ALMEIDA, Odimar Ferreira de; M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. March 2017. Interspecific crossing e resistance to *Meloidogyne enterolobii* in *Psidium* spp. Prof. Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Counselors: Prof. Rosana Rodrigues and Prof. Vicente Martins Gomes.

The guava (*Psidium guajava* L.) is an appreciable fruit in the world, being distributed in tropical and subtropical regions around the world. However, the nematode *Meloidogyne enterolobii* associated to fungus *Fusarium solani* threat the guava crop, causing the Guava Decline. The control of this disease become more difficult because were not found guava plants resistant to nematode yet. This work aimed obtain *Psidium* hybrids resistant to *M. enterolobii* to estimation of genetic diversity. The experiment began in 2015 by the crossing species *P. cattleianum*, *P. guineense* and *P. guajava* species. The hybrids were handled and the assessment were conducted in greenhouse at a Research Support Unit of Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Were carried out at the total of 696 crosses, all of them using the *P. cattleianum* as pollen donor of resistant allele. In each genotype of H1 generation was inoculated a suspension with 1,000 *M. enterolobii* specimens. Were assessed the reproduction factor, number of leaves, plant height, fresh mass of aerial part, fresh mass of root and volume of root, further of 14 multicategorical morphological descriptors following the UPOV's document. The distance between genotypes was estimated by Ward-MLM strategy. The biggest success of crossing was observed between *P. cattleianum* e *P. guajava*. The highest rates of germination were observed between crosses involving *P. guajava* and *P.*

*cattleianum*. At the total, 885 genotypes were assessed in the genetic diversity study. Were formed four groups based on the highest increment in the value of log-likelihood of likelihood logarithm function. The group I was composed by genotypes of all the progenies in the study, while the group II grouped genotypes of three out of five progenies assessed, this group also presented the highest mean of reproduction factor, with the most susceptible genotypes. The group II grouped genotypes of three progenies, however it was different to the group II in one of the progenies. The group IV grouped genotypes of only one progeny, being this the group with the lowest mean of reproduction factor, with the most resistant genotypes. The canonical variables 1 and 2 were capable to explain 95.21% of total variation of quantitative variables. The canonical variable 1 presented high positive correlation with the reproduction factor and high negative correlation with fresh mass of root and volume of root. The distance estimated between groups showed that the groups II and IV were the most divergent, while the groups I and III were the most similars.

Key-words: Guava; Interspecific hybridization; Guava decline; Root-knot nematode; Ward-MLM.



## 1. INTRODUÇÃO

A fruticultura é uma das principais atividades agrícolas responsáveis por gerar recursos para o pequeno, médio e grande produtor rural. O Brasil é o terceiro país com maior produtividade frutícola em todo o mundo, sendo a goiabeira (*Psidium guajava* L.) uma cultura importante nesse cenário, destacando-se os estados de São Paulo e Pernambuco como os maiores produtores (IBGE, 2016). A produção brasileira é dedicada ao consumo de frutas *in natura*, como as variedades Ogawa, Pedro Sato, Kumagai e Sassaoka, e frutas para o processamento industrial, como as variedades Rica, Século XXI e Paluma, esta última de dupla aptidão (Pereira e Kavati, 2011).

Pertencente à família Myrtaceae, a goiaba é amplamente observada em todas as regiões tropicais e subtropicais ao redor do mundo (Risterucci et al., 2005).

Espécies do gênero *Psidium*, comumente conhecidas como araçá, mostram em alguns genótipos características que lhes dão resistência ao fitonematoide *Meloidogyne enterolobii* (Yang e Eisenback, 1983) (*syn Meloidogyne mayanguensis* [Rammah e Hirschmann, 1988]). Este nematoide, em associação sinérgica com o fungo *Fusarium solani* sp., promove a doença conhecida como declínio da goiabeira e causa como sintomas galhas na raiz da planta, perdas de raízes finas, bronzeamento e amarelecimento nas folhas, desfolha de toda a parte aérea e, conseqüentemente, morte da planta (Gomes et al., 2011).

Pela dificuldade de controle da doença causada pelo nematoide, muitos agricultores deixaram a cultura da goiabeira, como ocorreu em muitos estados do

Brasil (Gomes et al., 2012). O impacto promovido pelo declínio da goiabeira no Brasil desestruturou quase toda a cadeia produtiva de goiaba em polos de frutas com produção expressiva, estimando um prejuízo de R\$ 112,7 milhões, US\$ 61 milhões em conversão direta (Pereira et al., 2009), e ameaça cada vez mais áreas ainda não infectadas. Os nematoides, de modo geral, causam prejuízos anuais em torno de US\$ 157 bilhões no mundo inteiro (Singh et al., 2015).

Pesquisando métodos eficientes de controle desse patógeno, foram desenvolvidos diversos estudos (Almeida et al., 2011; Almeida et al., 2012; Robaina et al., 2015), sendo a introdução de genótipos de goiaba resistentes a esse patógeno a maneira mais viável para controlá-lo. Assim, a hibridação interespecífica entre espécies de *Psidium* é uma estratégia importante, cujo principal interesse é introduzir genes resistentes presentes em alguns genótipos de *P. cattleianum* e *P. guineense* na população de *P. guajava*, visto que esta espécie não apresenta genótipos resistentes ao nematoide (Miranda et al., 2012). Alguns fatores dificultam os programas de melhoramento, tais como barreiras pré e pós-fertilização comumente presentes em cruzamentos interespecíficos e o número variável de cromossomos dentro e entre espécies de *Psidium* (Costa et al., 2008; Souza et al., 2015).

Desta forma, entender como funciona o cruzamento entre espécies de *Psidium* e a avaliação da diversidade genética são informações importantes para definir estratégias buscando a introdução de genes favoráveis presentes no germoplasma da base genética de interesse. Amplas bases genéticas podem proporcionar aos pesquisadores várias possibilidades de desenvolver híbridos e variedades, e o uso de marcadores morfológicos para estimar a variabilidade genética tem alguma vantagem, comparada com outros marcadores genéticos, como realizá-la usando baixa tecnificação (Govindaraj et al., 2015).

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Geral

Obter híbridos de *Psidium* spp. resistentes ao nematoide *Meloidogyne enterolobii* para estimação da diversidade genética.

### 2.2. Específicos

- Realizar cruzamentos interespecíficos de *Psidium* spp. para introgressão de genes de resistência em populações de *P. guajava* e *P. guineense*.
- Estimar a diversidade genética dos híbridos de *Psidium* spp. em populações segregantes via análise multivariada.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1. Aspectos gerais da cultura da goiaba

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é originária dos trópicos americanos, estando difundida por todas as áreas tropicais e subtropicais do mundo (Risterucci et al., 2005).

Pertencente à Família Myrtaceae, o gênero *Psidium* está entre os que mais têm espécies no mundo, cerca de 92, destacando-se as espécies *P. guineense* Swarts e *P. cattleianum* Sabine, além da *P. guajava* L. (Govaerts et al., 2015). Esta família apresenta número básico de cromossomos  $x = 11$ , compreendendo espécies geralmente diploides  $2n = 2x = 22$ , com exceção de duas espécies do gênero *Psidium*, *P. acutangulum* e *P. cattleianum*, ambas tetraploides  $2n = 4x = 44$  (Atchison, 1947; Costa e Forni-Martins, 2006). Entretanto, outras espécies dentro do gênero *Psidium* podem apresentar diferentes números de cromossomos (Souza et al., 2015).

A planta da goiabeira apresenta conformação arbórea, podendo atingir até seis metros de altura em condição silvestre, tem caule lenhoso, bastante ramificado, glabroso e sinuoso, folhas opostas, com formato elíptico oblongo e caracteristicamente de hábito caducifólio, frutos em forma de bagas, com tamanho e coloração de polpa diversificados, dependendo da variedade (Gonzaga Neto, 2007). As espécies *P. guineense* Swarts e *P. cattleianum* Sabine pertencem ao mesmo gênero que a goiaba, porém com menor importância econômica. *P.*

*guineense* é um arbusto de 1,5 m de altura, textura de caule lisa, folhas simples, nervuras salientes e margem suavemente ondulada (Ferreira et al., 2011), enquanto *P. cattleianum* apresenta conformação arbórea, atingindo 3 m em condições de restinga e a até 21 m de altura em condições de florestas ombrófilas, com folhas simples e simétricas, opostas e pecioladas, não pubescentes, obovadas e coriáceas (Silva e Medeiros, 2005).

O cultivo da goiabeira para fins comerciais se estende por todo o Brasil, devendo ser consideradas a temperatura, a umidade, a radiação solar e a disponibilidade de água no solo para o bom desenvolvimento desta cultura (Silva et al., 2010). O Estado do Rio de Janeiro tem potencial climático favorável à cultura da goiabeira por estar dentro da faixa climática ideal para a planta.

A goiaba é utilizada tanto para consumo *in natura* quanto para industrialização na forma de doces, compotas, geleias, sucos e cremes. Sua boa apreciação é devida, principalmente, às suas propriedades organolépticas, elevado teor nutritivo e polpa de alta qualidade industrial, caracterizada por um alto conteúdo de açúcares, pectina, licopeno, betacaroteno, fibra dietética, minerais, aminoácidos essenciais e vitamina C (Gouveia et al., 2004; Risterucci et al., 2005). Além do fruto, a indústria farmacêutica procura na planta - casca, brotos, folhas e raízes - propriedades medicinais com princípios ativos antimicrobianos, antimutagênicos e de combate à hipoglicemia (Iha et al., 2008).

Segundo o IBGE (2016), entre 2011 e 2015, o Brasil aumentou em 10,85% sua área plantada, ao passo que a quantidade produzida aumentou em 23,87%. Os Estados de Pernambuco e São Paulo se destacam na produção, tendo registrado em 2015 uma produção de 144.909 t e 143.682 t, respectivamente. A região Sudeste, nestes cinco anos, teve sua área plantada expandida em 1,09% e produção aumentada em 20,21%. Ainda nesse período, o Estado do Rio de Janeiro aumentou sua produção em 18,84%. Entretanto, houve sucessivas quedas na produção de 2011 a 2013, com recuperação nos anos seguintes.

Um dos pontos fortes que marcaram a queda na produção de goiaba na região Norte Fluminense nos últimos anos foram os sucessivos prejuízos à cultura em decorrência de severos danos causados pelo fitonematoide *Meloidogyne enterolobii* (Yang e Eisenback, 1983) (*syn Meloidogyne mayaguensis* [Rammah e Hirschmann, 1988]). Segundo Gomes et al. (2011), quando em associação sinérgica com o fungo *Fusarium solani* (Mart.) Sacc, o nematoide pode causar a

doença conhecida como declínio da goiabeira. Tal associação promoveu o declínio de cerca de 5.000 ha de pomares de goiabeira em todo Brasil (Pereira et al., 2009).

Visando a controlar os problemas de produção e suscetibilidade ao declínio da goiabeira, o programa de melhoramento da goiabeira da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro iniciou pesquisas em 2007, com a avaliação da diversidade genética via marcadores moleculares do tipo RAPD de 20 acessos de plantas nativas da região norte e noroeste fluminense para a composição da população inicial de melhoramento (Pessanha et al., 2011). Posteriormente, Campos et al. (2013) e Campos et al. (2016) deram sequência aos estudos no melhoramento da goiabeira, avaliando a diversidade genética via Ward-MLM e a formação de grupos heteróticos via Redes Neurais de 138 genótipos da geração  $H_1$  de cruzamentos controlados biparentais de acessos oriundos do banco de germoplasma da UENF. Quintal (2013), por sua vez, identificou nesta mesma população dez progênies com potencial seleção em duas épocas, com base na seleção de famílias e indivíduos por modelos mistos REML/BLUP. Oliveira et al. (2014) analisaram a distância genética entre acessos de goiabeiras previamente selecionados e araçazeiros do banco de germoplasma da UENF via marcadores ISSR, observando que alguns genótipos de araçazeiros são promissores para obter respostas heteróticas de híbridos interespecíficos com a goiabeira.

### **3.2. *Meloidogyne enterolobii***

O primeiro relato de plantas infectadas por nematoides data de 1855 quando Berkeley, trabalhando na Inglaterra, descobriu que havia uma associação entre um pequeno verme no solo e a formação de nódulos em raízes de pepino (Moura, 1996).

O gênero *Meloidogyne* foi observado pela primeira vez em 1877 quando C. Jobert, em viagem ao Brasil, buscava identificar a causa do declínio dos cafezais no Rio de Janeiro, doença que ocasionava o engrossamento das raízes do cafeeiro (Ferraz e Monteiro, 1995). O gênero *Meloidogyne* Göeldi, 1887, agrupa os chamados nematoides formadores de galhas. Conhecido anteriormente como *M. mayaguensis*, o nematoide é considerado como sinonímia de *M. enterolobii* (Yang e Eisenback, 1983). Com o decorrer dos anos, outras espécies foram sendo descritas e o gênero *Meloidogyne* tornou-se o nematoide de maior importância

econômica e de maior interesse no mundo (Silva, 2001). Mais de 90 espécies de *Meloidogyne* já foram descritas, sendo *M. incognita*, *M. javanica*, *M. arenaria* e *M. hapla* as mais difundidas e as que ocasionam maiores prejuízos para a agricultura mundial (Carneiro e Almeida, 2001).

No Brasil, o *M. enterolobii* foi assinalado pela primeira vez em Petrolina (PE), Curaçá e Maniçoba (BA), causando danos severos em plantios comerciais de goiabeiras (Carneiro et al., 2001). Após o relato inicial, constatou-se contaminação de goiabeiras em diversos Estados de todas as regiões do território brasileiro (Gomes et al., 2012). No Rio de Janeiro, o fitoparasita afetou seriamente as agroindústrias do município de São João da Barra (Lima et al., 2003).

Prejuízos relacionados a este parasita da goiabeira atribuído ao *M. enterolobii* são variáveis. Souza et al. (2006) notaram que alguns genótipos de goiabeiras seguem parasitadas pelo fitonematoide por muitos meses, com produtividade 30% menor em relação a plantas não infectadas. Além dos prejuízos na produção, há também que considerar os prejuízos socioeconômicos, visto que, em decorrência da disseminação do patógeno, o prejuízo estimado foi de R\$112 milhões e mais de 3.700 trabalhadores perderam suas funções nos pomares afetados (Pereira et al., 2009).

Segundo a EEPO (*European and Mediterranean Plant Protection Organization*), o *M. enterolobii* tem sido identificado em diversas culturas de países, dos quais a comunidade europeia importa produtos agrícolas.

Este nematoide tem a capacidade de parasitar cerca de 64 hospedeiros conhecidos, sendo, ainda, capaz de quebrar a resistência expressa pelo gene *Mi* de cultivares de tomate (European and Mediterranean Plant Protection Organization, 2011).

Como na maioria das espécies perenes o manejo pós-plantio de *M. enterolobii* em goiabeira é muito difícil e dispendioso, tornando-se inviável, é necessário adotar procedimentos preventivos. A prevenção consiste no plantio de mudas de goiabeira comprovadamente saudáveis, em análises nematológicas do solo onde se pretende estabelecer o pomar e na utilização somente de equipamentos agrícolas desinfestados (Gomes et al., 2008).

### **3.3. Declínio da goiabeira**

Segundo Powell (1971), a maioria das doenças causadas nas raízes é provocada pela associação entre microrganismos, em que um patógeno altera a predisposição do hospedeiro em favor de outro patógeno, facilitando a infecção. Para Taylor e Sasser (1978), o nematoide, depois de infectar a planta, causa alterações proteômicas e bioquímicas nos seus tecidos, desencadeando um desequilíbrio fisiológico propenso para a entrada do fungo.

No caso do declínio da goiabeira, a doença não ocorre na presença de somente um parasita, mas pela associação complexa entre o nematoide *M. enterolobii* e o fungo *F. solani* (Gomes et al., 2011). Neste caso, é necessário que ambos os agentes patogênicos estejam atuando ao mesmo tempo e no mesmo espaço para que ocorra a doença, indicando que o exsudado produzido pela planta após sua infecção induz o crescimento do micélio do fungo em direção ao sistema radicular da planta (Martins et al., 2014).

Gomes et al. (2011), ao analisarem amostras oriundas de diversos Estados brasileiros diagnosticados com o declínio da goiabeira nos pomares, observaram que associações do *M. enterolobii* com o *F. solani* ocorrem em todo o país. Miranda et al. (2012) advertem que os esforços de nematologistas e melhoristas devem ser voltados para o melhoramento de plantas visando ao controle de apenas um agente patogênico, ao invés dos dois.

#### **3.4. Melhoramento genético visando à resistência ao *M. enterolobii***

Diversos estudos foram desenvolvidos e apresentaram pouca eficiência para o controle do nematoide (Almeida et al., 2011; Almeida et al., 2012; Robaina et al., 2015), ressaltando que as melhores chances estão no uso de genótipos resistentes, que podem ser obtidos pelo melhoramento genético (Campos e Villain, 2005). Dentro deste contexto, Carneiro et al. (2007) encontraram resistência moderada em araçás da espécie *P. friedrichsthalianum* e resistência em três acessos de *P. cattleianum*, tendo sugerido que o uso desses genótipos resistentes para formação de porta-enxertos seria uma alternativa importante no manejo da doença. Entretanto, segundo Robaina et al. (2015), a principal cultivar utilizada por produtores no Brasil, cv. Paluma, apresentou incompatibilidade ao ser enxertada sobre porta-enxerto de *P. cattleianum*. Os diferentes níveis de ploidia influenciam diretamente nos tecidos adjacentes de cada espécie, sendo o principal fator da



incompatibilidade na enxertia interespecífica de espécies de *Psidium* (Souza et al., 2015).

Burla et al. (2007) também identificaram genótipos resistentes em espécies de *Psidium*, tendo avaliado a reação de 26 acessos de goiabeira e um de araçá ao *M. enterolobii* e relatado que todos os acessos de goiaba avaliados foram suscetíveis e o único acesso de araçá foi moderadamente resistente. Marques e Pimentel (2012) também avaliaram a resposta de 32 espécies em relação à resistência ao *M. enterolobii*, observando que a *P. myrtoides*, *P. cattleianum* e *P. acutangulum* se mostraram resistentes, enquanto *P. guineense* apresentou suscetibilidade.

Alguns estudos, além de confirmarem a suscetibilidade de acessos de goiaba ao nematoide e ao *F. solani* (Gomes et al., 2011; Gomes et al., 2012), também relataram resistência ou imunidade em acessos de *P. friedrichsthalianum*, *P. cattleianum* e outras espécies de *Psidium* ao *M. enterolobii* (Almeida et al., 2009; Carneiro et al., 2007; Martins et al., 2013; Miranda et al., 2012).

Maranhão et al. (2001) e Maranhão et al. (2003) relataram como moderadamente resistente uma planta de goiabeira segregante da cv. Bebedouro-18 e outra da cv. Pera Vermelha, além de plantas segregantes de araçazeiro (*P. guineense* Swartz) das variedades 6.2, 10.3 e 26.4 como moderadamente resistentes a três dos quatro isolados de *M. enterolobii* testados. Entretanto, segundo estes autores, os resultados não são suficientes para o controle deste fitonematoide.

Para obter resultados positivos para o melhoramento da goiabeira e sua resistência ao *M. enterolobii*, Costa et al. (2012) fizeram a avaliação de híbridos interespecíficos de acessos *P. guajava* (parental feminino) e *P. guineense* (parental masculino) e obtiveram dados de fator de reprodução em dois cruzamentos interespecíficos, sugerindo que a herança simples de um alelo dominante é responsável por conferir tolerância ao nematoide.

Gomes et al. (2016) não encontraram evidências de herança monogênica nas suas populações segregantes, além disso, seus resultados indicam que o caráter é controlado por múltiplos alelos. Estes autores aplicaram o método REML/BLUP para a seleção de genótipos de *Psidium* sp. com base no fator de reprodução de *M. enterolobii* e selecionaram treze genótipos com o menor ganho para a variável analisada, sugerindo que esses genótipos sejam usados para

retrocruzamento com o parental recorrente *P. guajava* na sequência do programa de melhoramento.

### 3.4.1. Diversidade Genética

A diversidade genética pode ser considerada a distância entre as populações, indivíduos ou organismo, baseada numa série de características de aspectos morfológicos, fisiológicos, citológicos, proteicos, bioquímicos e moleculares (Amaral Junior et al., 2010).

Em programas de melhoramento, o conhecimento da diversidade genética se faz importante, considerando que cruzamentos que envolvem genitores geneticamente divergentes apresentam maior eficiência em gerar híbridos com características desejáveis aos produtores e pesquisadores, maior variabilidade genética nas gerações segregantes e aumento do efeito heterótico (Falconer, 1989; Govindaraj et al., 2015). A obtenção das estimativas é necessária aos programas de melhoramento e também para a escolha de genitores para mapeamento de genes (Buzar et al., 2007).

A goiabeira apresenta alta diversidade genética em razão do seu sistema reprodutivo, podendo ocorrer polinização cruzada e frequente autofecundação, além da utilização de sementes heterozigóticas para formação de mudas (Alves e Freitas, 2007; Pessanha et al., 2011).

Santos et al. (2011), utilizando variáveis bioquímicas e características agronômicas para estudo de diversidade, obtiveram resultados satisfatórios na discriminação de 69 acessos de araçazeiros e goiabeiras, oriundos de diversos locais do nordeste brasileiro, através de análise multivariada. Entretanto, os mesmos autores não observaram nenhum agrupamento específico por local de coleta, indicando que não há barreiras na propagação dos acessos de goiabeira.

Pessanha et al. (2011) verificaram que o uso de marcadores moleculares do tipo RAPD tiveram eficiência em revelar a existência de diversidade entre 20 acessos de *Psidium* spp. coletados da região norte e noroeste Fluminense, além de demonstrar que o agrupamento hierárquico UPGMA para explicar a diversidade genética foi o mais eficiente.

Costa e Santos (2013) observaram alta variabilidade genética entre acessos de *Psidium* spp. existentes no banco de germoplasma da Embrapa Semiárido.

Entretanto, houve alta similaridade genética entre *P. guajava* e *P. guineense* em comparação com outras espécies do gênero, indicando a possibilidade de sucesso na obtenção de híbridos interespecíficos destas duas espécies.

De acordo com Campos et al. (2013), o método Ward-MLM é eficiente para estimar a divergência entre acessos, considerando, ao mesmo tempo, características de diferentes naturezas. Este método foi usado por Silva et al. (2014) para formação de grupos heteróticos de progênies de irmãos-completos de maracujazeiro-azedo. Paiva et al. (2014) também usaram o método para identificação de subgêneros dentro do gênero *Passiflora* ao avaliar 11 espécies deste gênero.

### **3.5. Banco de germoplasma da UENF**

O banco de germoplasma da UENF conta com acessos de *P. guajava* distribuídos em dois municípios do Estado do Rio de Janeiro, Itaocara e Campos dos Goytacazes, sendo neste último também encontrado acessos de *P. guineense* e *P. cattleianum*.

Os acessos de *P. guajava* foram plantados em 2009, sendo oriundos da coleta de material genético nos municípios de São João da Barra e Bom Jesus do Itabapoana, ambos no Estado do Rio de Janeiro. Os acessos de *P. cattleianum* foram obtidos de frutos coletados em uma área de restinga e propriedade de um agricultor, ambas em São João da Barra no Estado do Rio de Janeiro, e de frutos coletados em plantas que compõem a arborização pública no município de Campos dos Goytacazes, tendo estes acessos sido plantados em 2009 na Escola Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes.

Tendo como base esse banco de germoplasma, foram desenvolvidos trabalhos voltados para o programa de melhoramento da espécie (Pessanha et al., 2011; Campos et al., 2013; Quintal, 2013 e Oliveira et al., 2014) . Trabalhos desenvolvidos por Altoé et al. (2011), Miranda et al. (2011), Miranda et al. (2012), Robaina et al. (2012), Robaina et al. (2015), Biazatti et al. (2016) e Bremenkamp et al. (2016) também usaram os acessos de *Psidium* spp. para estudos fitotécnicos.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Localização

O experimento foi instalado em 2015, em casa de vegetação da Unidade de Apoio à Pesquisa na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), 21° 45' de latitude sul, 41° 18' de longitude oeste e 11 m de altitude, no município de Campos dos Goytacazes, no norte do Estado do Rio de Janeiro.

### 4.2. Material Genético

Foram utilizados como parentais um acesso de *P. guineense*, seis acessos de *P. guajava* e nove acessos de *P. cattleianum* para realização de 412 cruzamentos entre *P. cattleianum* e *P. guineense* e 284 cruzamentos entre *P. cattleianum* e *P. guajava* (

**Tabela 1).** Os acessos de *P. guajava* e *P. guineense* eram suscetíveis ao *M. enterolobii* e foram utilizados como receptores de genes de resistência, enquanto os acessos de *P. cattleianum* eram resistentes e foram utilizados como fonte doadora de genes de resistência.

Todos estes acessos foram obtidos do banco de germoplasma da UENF, estando os acessos com o prefixo CV localizados nas Unidades de Apoio à Pesquisa na casa de vegetação do LEF e os demais acessos localizados na Escola Agrícola Antônio Sarlo, ambos em Campos dos Goytacazes. No total, 885 genótipos de cinco progênies foram avaliados no estudo de caracterização e

diversidade: 78 genótipos da progênie 13.4 II x UENF-20176, 91 da progênie CV8 x CV11, 176 da progênie CV1 x CV11, 253 da progênie CV11 x UENF-20181 e 287 da progênie 13.4 II x P51.

**Tabela 1.** Código das progênies e suas respectivas espécies usadas como parentais para obtenção de híbridos interespecíficos.

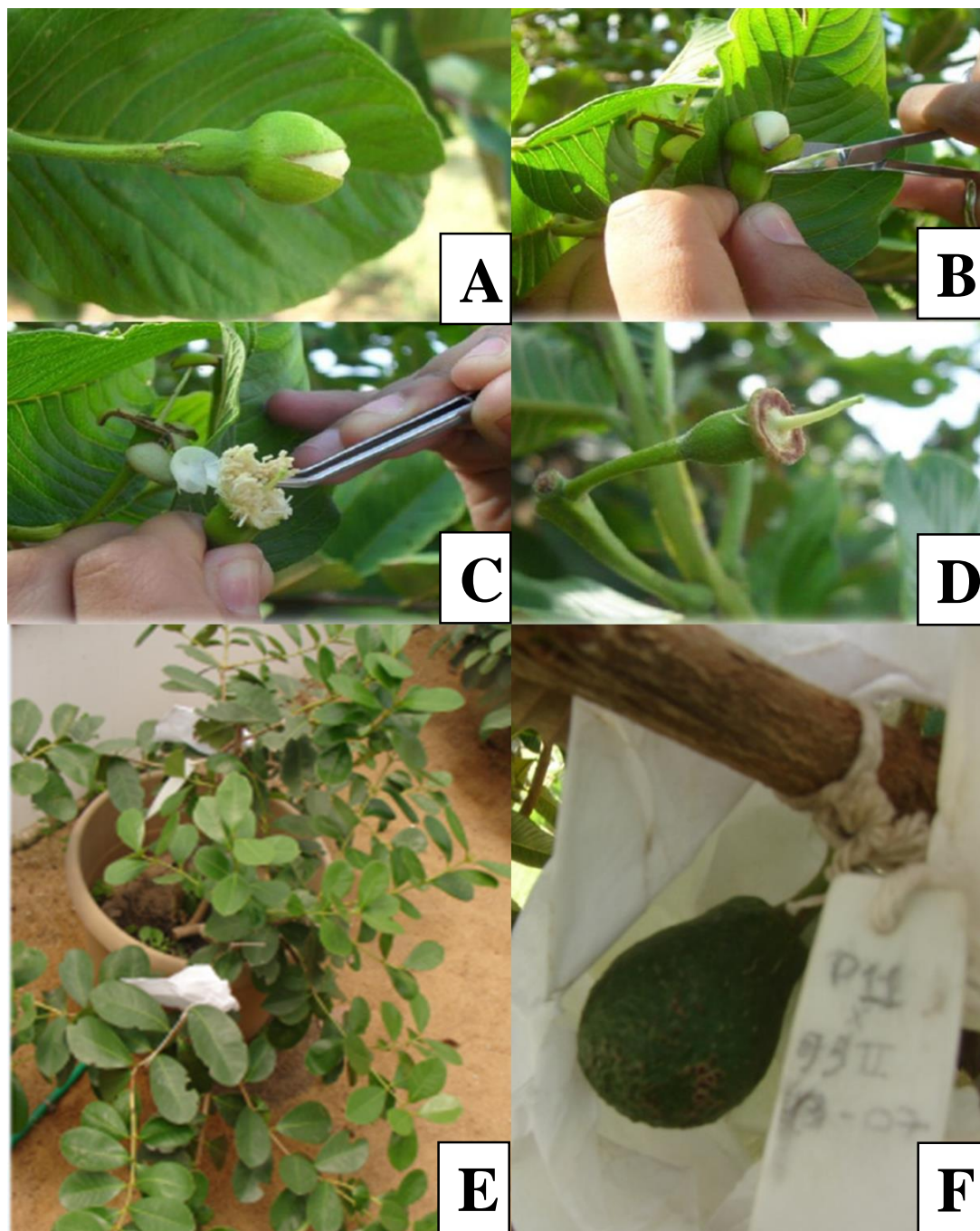
<b>Progênies</b>	<b>Espécies parentais</b>
<b>CV1 X CV11</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guineense</i>
<b>CV11 X CV8</b>	<i>P. guineense</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>CV11 X UENF-20181</b>	<i>P. guineense</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>CV6 X 13.10 I</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guajava</i>
<b>CV6 X 9.7 I</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guajava</i>
<b>CV8 X CV11</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guineense</i>
<b>UENF-20181 X 9.7 I</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guajava</i>
<b>UENF-20181 X 9.9 I</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guajava</i>
<b>UENF-20175 X 9.7 I</b>	<i>P. cattleianum</i> x <i>P. guajava</i>
<b>9.9 I X P52</b>	<i>P. guajava</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>13.4 II X P51</b>	<i>P. guajava</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>13.4 II X UENF-20176</b>	<i>P. guajava</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>9.5 II X UENF-20181</b>	<i>P. guajava</i> x <i>P. cattleianum</i>
<b>13.2 II X CV4</b>	<i>P. guajava</i> x <i>P. cattleianum</i>

#### **4.3. Cruzamentos**

As plantas de todos os acessos utilizados neste trabalho foram podadas para sincronizar a indução floral no intuito de fazer os cruzamentos manualmente. Os botões florais dos parentais femininos foram emasculados no estágio de pré-antese pela remoção de pétalas, sépalas e anteras. As flores do parental masculino foram todas coletadas no dia da polinização e colocadas em placas de Petri.

A emasculação das flores receptoras de pólen foi feita no mesmo dia das polinizações e as flores doadoras de pólen foram maceradas à mão na placa de Petri, sendo o pólen depositado em seguida e distribuído sobre a superfície do estigma. Após a polinização, os botões foram etiquetados com as identificações dos parentais e protegidos com sacos de papel para prevenir contaminação tanto do vento como dos polinizadores. O desenvolvimento dos frutos foi monitorado e

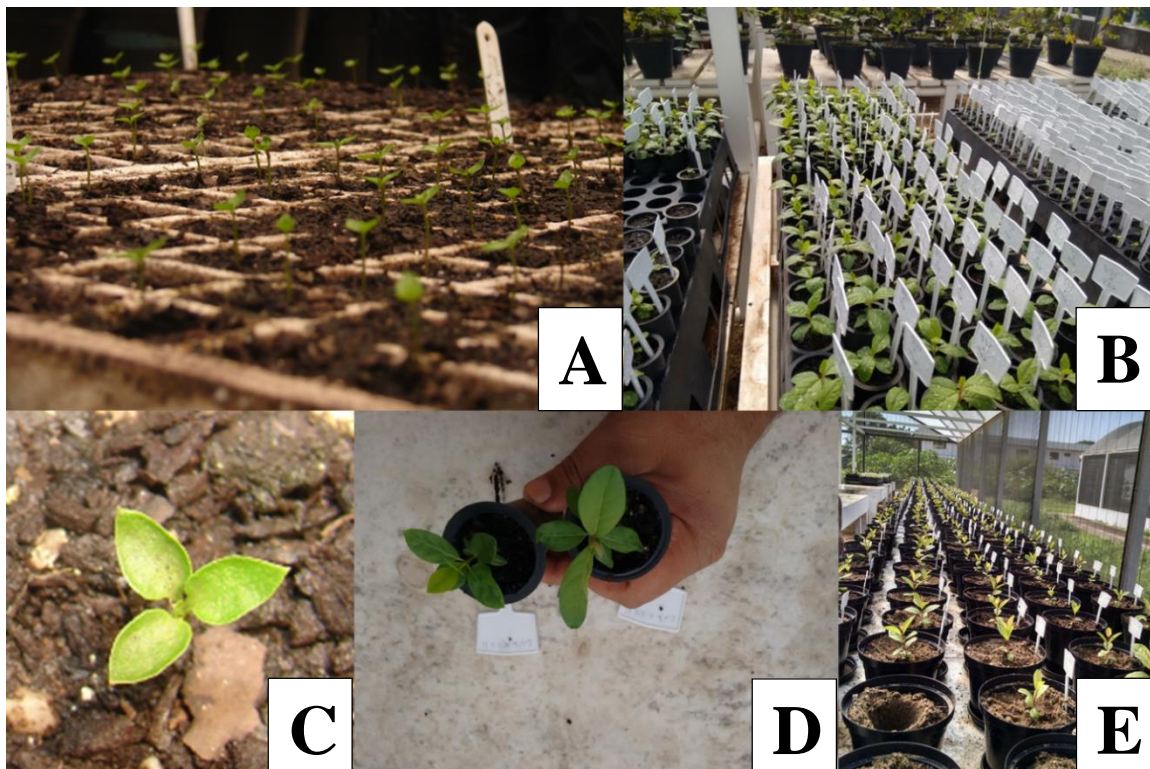
então colhidos quando fisiologicamente maduros (Figura 1). As sementes foram contadas e postas em envelopes de papel devidamente identificados para armazenamento em freezer.



**Figura 1.** Procedimento de emascação de flores femininas de *Psidium* spp. para polinização manual. Botão floral com cálice rompido em estágio de pré-antese (A); Remoção de estruturas externa do botão floral (B); Remoção de anteras, emascação propriamente dita (C); Estigma receptivo pronto para receber o pólen (D); Botão ensacado para proteção contra contaminação (E); Fruto fisiologicamente maduro com identificação dos parentais (F).

#### 4.4. Semeio e condução

A semeadura foi feita em bandejas de germinação de 128 células, contendo substrato artificial (Plantmax®). Em seguida, as bandejas foram mantidas em câmara de nebulização até a germinação das sementes, que ocorreu entre 22 e 30 dias.



**Figura 2.** Condução de progênies de *Psidium* spp. em casa de vegetação. Distribuição de sementes para germinação em bandejas de isopor de 128 células (A); Mudas em tubetes após transplante (B); Plântula recém-emergente (C); Mudas em tubetes com identificações individuais (D); Mudas em vasos prontas para inoculação de *Meloidogyne enterolobii* (E).

As mudas de geração H<sub>1</sub> foram transplantadas para vasos plásticos de 5 litros, que receberam uma muda por unidade, preenchidos com areia, substrato e terra preta, na proporção 2:1:1, respectivamente. Os vasos foram organizados em bancadas no espaçamento 20 x 20 cm em fileiras de 5 plantas por fileira. Durante o período de desenvolvimento, antes da inoculação de nematoides, foi feita uma adubação de NPK com 10g por vaso da fórmula 15-09-12 a cada seis meses. A irrigação foi controlada diariamente, com uma a duas regas por dia.

#### **4.5. Procedimentos de inoculação**

A suspensão de ovos de nematoide foi obtida pela extração da fonte de inóculo de raízes de tomate. A extração seguiu o método proposto por Cotter et al. (2003) com modificação, tendo as raízes parasitadas sido colocadas em potes de 1 L e adicionados 500 mL de água. Os potes foram agitados por um agitador de mesa pendular modelo Tecnal® TE240 durante 4 minutos para separação dos ovos das raízes. A suspensão agitada foi coada em peneiras de 100 e 500 mesh, retendo os ovos e juvenis em estágio J2 de nematoide. A peneira de 100 *mesh* serviu para reter partículas maiores desprendidas das raízes e a peneira de 500 *mesh* reteve os espécimes de nematoide.

Do sexto par de folhas em diante, as plantas foram inoculadas com 10 mL de solução de ovos de nematoide, distribuída ao redor da planta, em cada vaso. A solução de ovos de nematoide inoculada teve uma população inicial ( $P_i$ ) com 1.000 espécimes, constituída por ovos e J2 de *M. enterolobii*.

As avaliações ocorreram em 135 a 180 dias após a inoculação, tendo sido seguida a metodologia de avaliação proposta por Burla et al. (2010). A inoculação ocorreu de forma escalonada, de modo que cada população recebeu inóculos em dias diferentes, com isso foi possível fazer a avaliação do fator de reprodução de todas as populações dentro do período proposto.

#### **4.6. Diversidade genética**

##### **4.6.1. Variáveis qualitativas**

Para o estudo de diversidade, foram utilizados 14 descritores morfológicos qualitativos, sendo quatro binários e dez multicategóricos, com base no documento da União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas (UPOV) (Tabela 2).



**Tabela 2.** Quatorze descritores recomendados para a cultura da goiaba usados para avaliação da diversidade genética de acordo com documento da União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas UPOV.

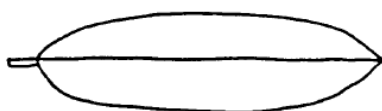
<b>Descritor</b>	<b>Característica</b>	<b>Código</b>
<b>1. Pubescência na face abaxial de folha jovem</b>	Ausente ou muito escassa	1
	Escassa	3
	Média	5
	Densa	7
	Muito densa	9
<b>2. Torção da folha</b>	Ausente	1
	Presente	9
<b>3. Pubescência na face abaxial de folha desenvolvida</b>	Ausente	1
	Presente	9
<b>4. Forma de folha</b>	Arredondada	1
	Ovalada	2
	Obovada	3
	Lanceolada	4
	Oblanceolada	5
	Oblonga	6
<b>5. Forma da base foliar</b>	Obtusa	1
	Arredondada	2
	Cordada	3
<b>6. Forma do ápice foliar</b>	Acuminada	1
	Cuspidada	2
	Aguda	3
	Obtusa	4
	Arredondada	5
<b>7. Textura da face axial da folha</b>	Lisa	3
	Média	5
	Enrugada	7
<b>8. Curvatura na seção transversal da folha</b>	Fraca	3
	Média	5
	Forte	7
<b>9. Curvatura da nervura central da folha</b>	Ausente	1
	Presente	9
<b>10. Grau de curvatura da nervura central da folha</b>	Fraco	3
	Médio	5
	Forte	7
<b>11. Ondulação da margem da folha</b>	Ausente	1
	Presente	9
<b>12. Grau de ondulação da margem da folha</b>	Fraco	3
	Médio	5
	Forte	7

Tabela 2. Cont.

Descritores	Característica	Código
<b>13. Coloração da folha</b>	Verde acinzentada	1
	Verde amarelada	2
	Verde	3
	Verde escura	4
<b>14. Coloração abaxial da nervura central</b>	Creme	1
	Amarela	2
	Avermelhada	3

Para os descritores 2, 4, 5, 6, 8 e 9, seguem esquemas para melhor caracterização:

#### 2. Torção da folha

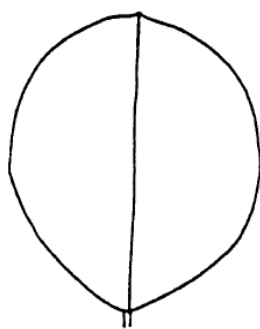


Ausente

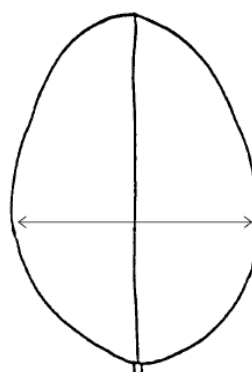


Presente

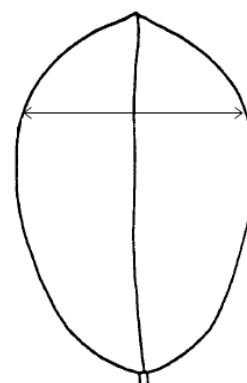
#### 4. Forma da folha



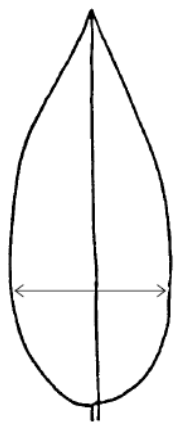
Arredondada



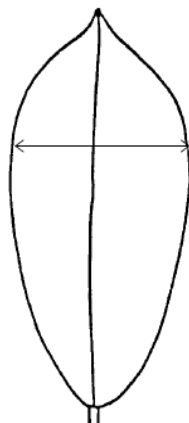
Ovalada



Obovada



Lanceolada



Oblanceolada



Oblonga

## 5. Forma da base foliar



Obtusa



Arredondada



Cordada

## 6. Forma do ápice foliar



Acuminado



Cuspidado



Agudo

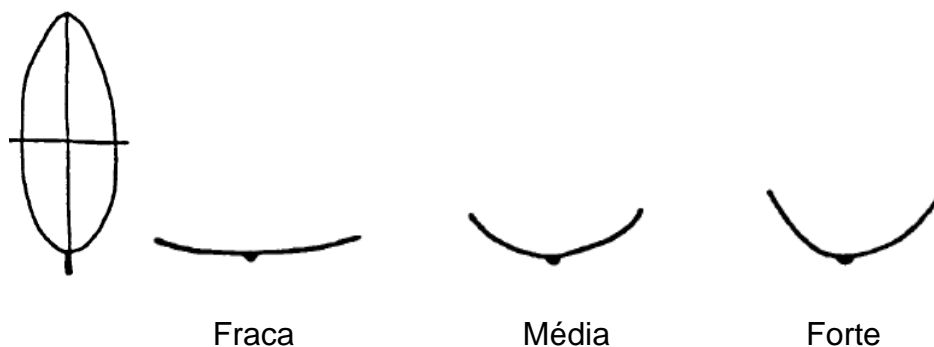


Obtuso

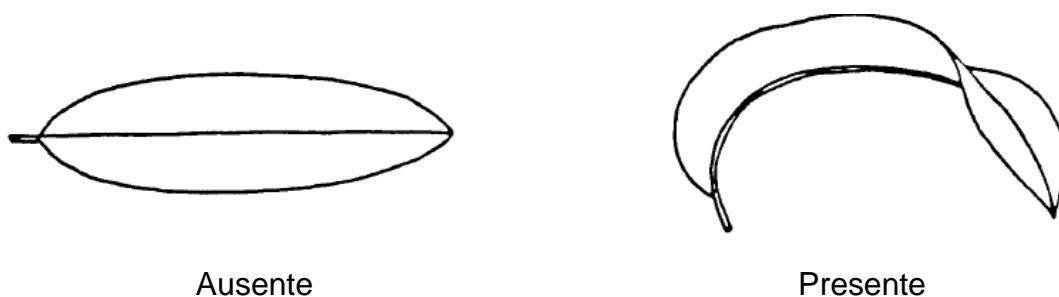


Arredondado

## 8. Curvatura na seção transversal da folha



## 9. Curvatura da nervura central da folha



### 4.6.2. Variáveis quantitativas

Seis variáveis quantitativas foram avaliadas na população segregante. No intuito de preservar as plantas para a sequência do programa de melhoramento, somente metade do sistema radicular foi processado, assim os valores mensurados das variáveis relacionadas a esta parte da planta foram multiplicados por dois para representar o valor real (Miranda et al., 2011).

A estimativa do fator de reprodução (FR) dos nematoides segue a metodologia proposta por Oostenbrink (1966), expressa pela equação  $FR = \frac{P_i}{P_f}$ , em que  $P_i$  é o número de espécimes da população inicial;  $P_f$ , o número de espécimes da população final;  $FR > 1$  significa que o genótipo é suscetível à infecção pelo nematoide;  $FR < 1$  significa que o genótipo é resistente à infecção pelo nematoide; e  $FR = 0$  significa que o genótipo é imune à infecção pelo nematoide. O valor da  $P_f$  foi mensurado pela extração de metade do sistema radicular por processo semelhante ao já descrito acima, com mudança na adição de solução de água

sanitária (hipoclorito de sódio com concentração aproximada de 2%) a 6% de concentração ao invés de água.

A altura da planta (AP) foi mensurada em centímetros, usando uma fita métrica de 150 cm de comprimento desde o solo até o último par de folhas.

O número de folhas (NF) foi obtido contando a unidade de folhas desde a primeira folha completamente aberta do ápice até a folha mais próxima do solo.

A massa fresca de parte aérea (MA) foi mensurada com o corte da parte aérea da planta a 5 cm do solo, para permitir a rebrota, sendo a parte cortada mensurada em gramas por balança eletrônica modelo Shimadzu BLZ3200H.

A mesma balança foi usada para mensurar a massa de raiz (MR), também mensurada em gramas. O volume de raiz (VR) foi mensurado em mililitros usando cilindro graduado pela diferença entre a coluna de água antes e depois da submersão da raiz.

#### **4.6.3. Análise multivariada**

O método de agrupamento utilizado foi o de Ward-MLM, proposto por Crossa e Franco (2004) e processado pelo programa SAS (SAS, 2011), que se inicia com a estimação do algoritmo de Gower (Gower, 1971), correspondente à distância entre os acessos, contemplando tanto as variáveis quantitativas como as qualitativas, gerando uma matriz no arquivo *distfile*.

De posse da matriz de distância, foi feito o primeiro agrupamento, definido pelo método de agrupamento da mínima variância entre grupos, proposto por Ward (1963), que procura partições que minimizem a perda associada a cada agrupamento, que gerou gráficos das estatísticas pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, tendo como consequência a primeira aproximação do número de grupos, através do procedimento CLUSTER e IML.

O segundo agrupamento foi feito pela obtenção do gráfico logaritmico da função de verossimilhança, maximizada segundo o método *Modified Location Model* (MLM), que estima a média dos vetores das variáveis quantitativas para cada subpopulação, independentemente dos valores da variável multinomial. Este gráfico tende a definir o número apropriado de grupos pela observação do maior incremento de verossimilhança para os diferentes números de grupos.

Com a definição dos grupos formados, foi estimada a distância entre grupos e a correlação das variáveis quantitativas com as variáveis canônicas obtidas pelo procedimento CANDISC, gerando o arquivo *canfile* contendo as coordenadas canônicas para as observações. A distância proposta por Matusita (1955), adaptada por Krzanowski (1983) e Franco et al. (1998) para distribuição de variáveis, definiu a dissimilaridade de grupos com base na distância generalizada de Mahalanobis.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Cruzamentos interespecíficos

Os resultados obtidos nos cruzamentos, **Erro! Fonte de referência não encontrada.**, publicados por Gomes et al. (2016), mostram que as melhores taxas de sucesso de cruzamentos entre *P. cattleianum* x *P. guineenses* foram observadas nos cruzamentos CV8 x CV11 e CV1 x CV11 (40% e 24,13%, respectivamente). Para cruzamentos entre *P. cattleianum* x *P. guajava*, as progênes com melhores taxas de sucesso de cruzamentos foram CV6 x 13.10I e UENF-20181 x 9.9I (10% de sucesso para ambas).

No total, 1.858 sementes foram obtidas pelos cruzamentos, mas taxa de germinação acima de 70% foi observada apenas para os cruzamentos *P. guajava* x *P. cattleianum*, destacando-se os cruzamentos 9.5II x UENF-20181, 13.4II x P51, 13.2II x CV4, 9.9I x P52 e 13.4II x UENF-20176, com valores de germinação de 92,6%, 87,6%, 86,1%, 76,9% e 76,7%, respectivamente. A progênie *P. cattleianum* (UENF-20175) x *P. guajava* (9.7I) foi a única que teve como parental feminino *P. cattleianum*, tendo apresentado taxa de germinação superior a 70%, com taxa de germinação de 80%. Os cruzamentos de *P. cattleianum* (CV8) x *P. guineense* (CV11), *P. guineense* (CV11) x *P. cattleianum* (UENF-20181), *P. cattleianum* (CV1) x *P. guineense* (CV11) e *P. cattleianum* (CV6) x *P. guajava* (13.10I) apresentaram valores 67,1%, 66,7%, 47,6% e 43,8% de germinação, respectivamente.

**Tabela 3.** Total de cruzamentos por progênies e seus respectivos números de cruzamentos, sucessos de cruzamento, número de frutos, número de sementes e taxa de germinação.

<b>Progênies</b>	<b>NC*</b>	<b>SC (%)</b>	<b>NF</b>	<b>NS</b>	<b>TG (%)</b>
<b>CV1 X CV11</b>	87	24,13	21	410	47,60
<b>CV11 X CV8</b>	100	1,00	1	21	4,70
<b>CV11 X UENF-20181</b>	200	0,50	1	297	66,70
<b>CV6 X 13.10 I</b>	30	10,00	3	16	43,80
<b>CV6 X 9.7 I</b>	20	5,00	1	77	3,90
<b>CV8 X CV11</b>	25	40,00	10	298	67,10
<b>UENF-20181 X 9.7 I</b>	20	10,00	2	8	0,00
<b>UENF-20181 X 9.9 I</b>	25	4,00	1	8	12,50
<b>UENF-20175 X 9.7 I</b>	40	5,00	2	5	80,00
<b>9.9 I X P52</b>	50	2,00	1	117	76,90
<b>13.4 II X P51</b>	34	6,00	2	394	87,60
<b>13.4 II X UENF-20176</b>	20	5,00	1	335	76,70
<b>9.5 II X UENF-20181</b>	25	4,00	1	68	92,60
<b>13.2 II X CV4</b>	20	5,00	1	101	86,10
<b>Total</b>	696	6,60**	46	1.858	77,77**

\*Número de cruzamentos (NC); Sucesso de cruzamento (SC); Número de Frutos (NF); Número de sementes (NS); Taxa de germinação (TG);

\*\*Média.

Das sementes obtidas, 77,77% germinaram, mas apenas 61,25% das sementes germinadas alcançaram vigor suficiente para atingir os seis pares de folhas admitidos para o estudo de caracterização e de diversidade.

Os resultados mostraram que os cruzamentos interespecíficos de acessos de *Psidium* não eram homogêneos e alguns desses cruzamentos foram mais promissores quando a planta feminina era de uma espécie específica, como observado quando o *P. cattleianum* foi o parental receptor de pólen, com taxas de sucesso superiores a 10%. Resultados semelhantes foram obtidos em retrocruzamento envolvendo população segregante de híbridos interespecíficos de *Passiflora* com o parental recorrente *P. edulis*, em que a taxa de sucesso de cruzamentos foi maior quando o doador de pólen era o parental recorrente *P. edulis* do que quando o doador de pólen era a população segregante (Freitas et al., 2015). Além disso, a maior porcentagem de sucesso de cruzamentos foi observada



quando os cruzamentos foram entre *P. cattleianum* e *P. guineense*. Estudos conduzidos sobre hibridação interespecífica em *Capsicum* apresentaram dificuldades causadas por barreiras de pré-fertilização, como a possibilidade de cruzamentos apenas em uma direção, como observado nos cruzamentos entre *C. baccatum* e *C. frutescens*, mostrando a não germinação de grãos de pólen ou paralisando o crescimento do tubo polínico (Martins et al., 2015).

Muitas sementes obtidas por cruzamentos sofreram com falta de vigor, ou não germinaram, sendo esta uma dificuldade comum na hibridação interespecífica (Martins et al., 2015; Okamoto e Ureshino, 2015; Parton et al., 2001). A redução do número de genótipos analisados na sequência do estudo, de 1.858 para 885, é uma evidência da presença de barreiras pós-fertilização na hibridação interespecífica entre as espécies de *Psidium*. Durante o período de avaliação, as perdas mais acentuadas de genótipos foram geralmente observadas em progênes de *P. cattleianum* x *P. guajava*, mas foram observadas perdas em todas as progênes.

Costa et al. (2012) não comprovaram hibridação interespecífica entre *P. guajava* e *P. cattleianum* em seus cruzamentos, sugerindo que a diferença de ploidia foi fator limitante para obtenção de híbrido entre essas duas espécies, mas conseguiram comprovar hibridação entre um acesso *P. guajava* e dois acessos de *P. guineense* - um com 13,7% de média de pegamento e outro com 6,6% de média de pegamento. O elevado número de acessos utilizados e o número de cruzamentos feitos neste estudo foram o diferencial na aquisição de um número satisfatório de sementes viáveis entre *P. cattleianum* e *P. guajava*.

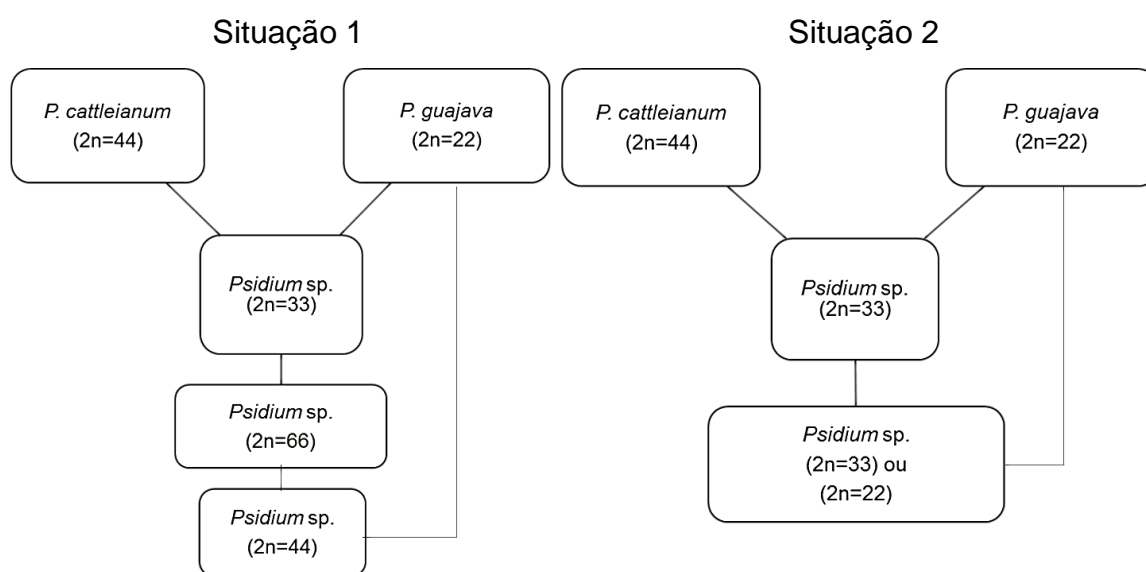
Além disso, o número básico de cromossomos de espécies de *Psidium* é de  $x = 11$ , sendo *P. guajava* a única espécie diploide neste gênero ( $2n = 2x = 22$ ), enquanto as espécies *P. guineense* e *P. cattleianum* são apresentadas como poliploides ( $2n = 4x = 44$ ) (Costa et al., 2008; Souza et al., 2015). A dificuldade de cruzar *P. guajava* com *P. cattleianum* mostra que a diferença de ploidia afeta a viabilidade dos cruzamentos. Espera-se que progênes de *P. cattleianum* x *P. guajava* possam apresentar em seu genoma 33 cromossomos ( $2n = 3X = 33$ ), gerando gametas com 11 ( $n = x = 11$ ) ou 22 ( $n = 2x = 22$ ) cromossomos, entretanto, genótipos triploides são estéreis por não apresentarem gametas geneticamente balanceados (Klug et al., 2010).

Dois situações podem ser observadas considerando os cruzamentos e cada uma delas possibilita adotar uma estratégia diferente (Figura 3). A primeira

seria a obtenção de um híbrido triploide pelo cruzamento entre *P. cattleianum* ( $2n = 44$ ) e *P. guajava* ( $2n = 22$ ), em que esse híbrido terá seu genoma duplicado pela indução de duplicação cromossômica, tornando-o hexaploide. Esse híbrido, quando retrocruzado com o parental *P. guajava*, irá gerar uma progênie tetraploide fértil.

Por outro lado, a segunda situação seria o mesmo híbrido triploide apresentar gametas viáveis, podendo ser  $n = 11$  ou  $n = 22$ . Quando retrocruzado com o parental *P. guajava*, a progênie será diploide ou triploide, mas esta situação parece inviável pela possível esterilidade encontrada em genótipos triploides.

Os cruzamentos entre as espécies *P. cattleianum* e *P. guineense* foram conduzidos para futuros estudos de mapeamento genético das espécies, dando sequência ao programa de melhoramento da goiabeira.



**Figura 3.** Esquema de duas situações possíveis para condução do programa de melhoramento da goiabeira, visando à resistência ao *M. enterolobii* de acordo com os níveis de ploidia.

## 5.2. Caracterização geral das populações

Os 885 genótipos, foram classificados, em sua maioria, com ausência ou escassa pubescência na face abaxial das folhas jovens (40,11%), seguidos por média, escassa, densa e muito densa pubescência (27,23%, 24,75%, 6,33 % e 1,58%, respectivamente) (Tabela 4).

O descritor torção de folhas registrou a maioria dos genótipos com ausência desta característica (96,95%), classificação semelhante observada para a maioria dos genótipos quando avaliada a pubescência na face abaxial das folhas maduras (98,87%). Para as folhas desenvolvidas, os genótipos foram classificados principalmente como tendo forma oblonga (68,81%), seguidos por forma oblanceolada, ovulada e obovada (30,85%, 0,23%, 0,11%, respectivamente). Para forma de base e forma do ápice foliar, os genótipos foram classificados como obtusos, 100% e 69,83%, respectivamente; enquanto para o ápice foliar, os genótipos também foram classificados como agudos (30,17%).

A curvatura em seção transversal tem a maioria dos genótipos classificados como médios (50,40%), seguidos de fracos e fortes (29,60% e 20,00%, respectivamente). Quando avaliado o grau de curvatura da nervura central, sua presença foi observada em 69,49% dos genótipos, que se apresentaram fracos (49,27%), médios (40,81%) e fortes (9,92%), enquanto os outros 30,51% dos genótipos não apresentaram esta característica. Por sua vez, o grau de ondulação da margem foi observado em apenas 69,83%, e a maioria destes genótipos foi classificada como fraca (58,74%), seguida por média e forte (33,66% e 7,60%, respectivamente).

O descritor de coloração das folhas classificou os genótipos principalmente como tendo folhas verde-escuras (58,54%), seguida da coloração verde (41,46%) e a cor da nervura central na face axial foi amarela para a maioria dos genótipos (74,69%), seguida das cores de creme e vermelha (13,01% e 12,09%, respectivamente).

**Tabela 4.** Classificação geral de progênies de *Psidium* de acordo com as características de descritores morfológicos com base no documento da UPOV.

<b>Descritor</b>	<b>Característica</b>	<b>Frequência</b>
<b>Pubescência na face abaxial de folha jovem</b>	Ausente ou muito escassa	40,11
	Escassa	24,75
	Média	27,23
	Densa	6,33
	Muito densa	1,58
<b>Torção da folha</b>	Ausente	96,95
	Presente	3,05
<b>Pubescência na face abaxial de folha desenvolvida</b>	Ausente	98,87
	Presente	1,13
<b>Forma de folha</b>	Arredondada	0,00
	Ovalada	0,23
	Obovada	0,11
	Lanceolada	0,00
	Oblanceolada	30,85
	Oblonga	68,81
<b>Forma da base foliar</b>	Obtusa	100,00
	Arredondada	0,00
	Cordada	0,00
<b>Forma do ápice foliar</b>	Acuminado	0,00
	Cuspidado	0,00
	Agudo	30,17
	Obtuso	69,83
	Arredondado	0,00
<b>Textura da face axial da folha</b>	Lisa	27,91
	Média	29,83
	Enrugada	42,26
<b>Curvatura na seção transversal da folha</b>	Fraca	29,60
	Média	50,40
	Forte	20,00
<b>Curvatura da nervura central da folha</b>	Ausente	30,51
	Presente	69,49
<b>Grau de curvatura da nervura central da folha</b>	Fraco	49,27
	Médio	40,81
	Forte	9,92
<b>Ondulação da margem da folha</b>	Ausente	30,17
	Presente	69,83
<b>Grau de ondulação da margem da folha</b>	Fraco	58,74
	Médio	33,66
	Forte	7,61

**Tabela 4.** Cont.

<b>Descritor</b>	<b>Característica</b>	<b>Código</b>
<b>Coloração da folha</b>	Verde acinzentada	0,23
	Verde amarelada	2,37
	Verde	36,16
	Verde escura	61,24
<b>Coloração abaxial da nervura central</b>	Creme	13,22
	Amarela	74,69
	Avermelhada	12,09

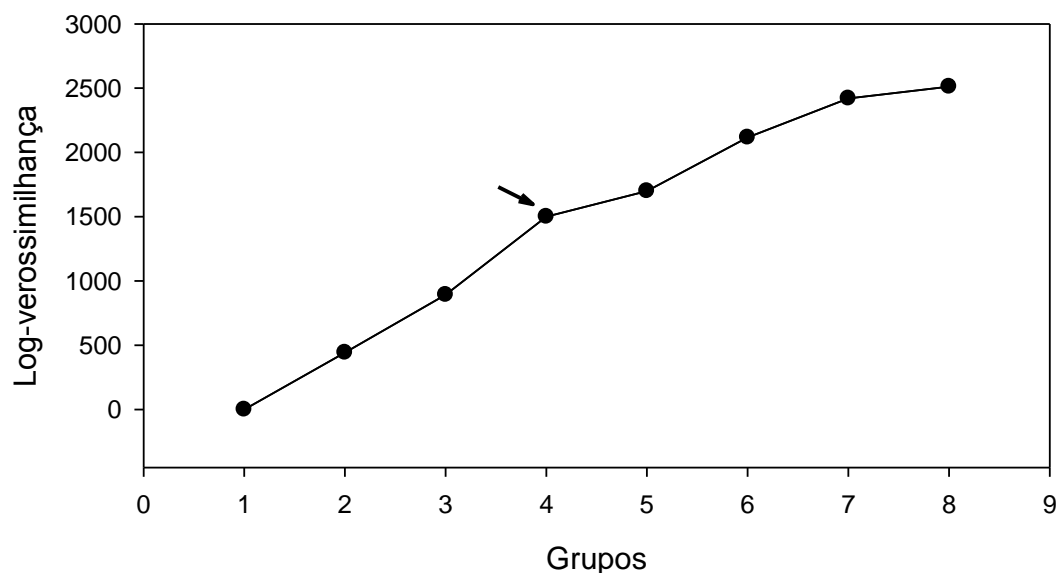
### 5.3. Agrupamento

De acordo com os critérios pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, os 885 genótipos foram agrupados em três e dois grupos, respectivamente. A função logarítmica da probabilidade baseada no maior incremento no valor de log-verossimilhança determinou a formação de quatro grupos como número ótimo de grupos (Tabela 5). A Figura 4 ilustra o incremento através do gráfico da estimativa de log-verossimilhança de cada grupo.

O número de grupos formados utilizando os critérios pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, associado à função de verossimilhança, agrupou da melhor maneira possível os genótipos avaliados. Estes critérios para a otimização do número de aglomerados são preferíveis por não aceitar um agrupamento subjetivo, porém o número diferente de acessos, descritores e características avaliados pode resultar em número diferente de grupos (Goncalves et al., 2009). Campos et al. (2013), ao avaliar a diversidade de 138 acessos de goiabeira com base em descritores morfológicos, agrônômicos e físico-químicos, utilizaram esta metodologia e obtiveram oito grupos na sua análise.

**Tabela 5.** Número de grupos formados pelo método Ward-MLM, com base na função logarítmica de probabilidade (log-verossimilhança) e o incremento.

Grupos	Log- verossimilhança	Incremento
1	-24324,5845	-
2	-23881,4050	443,1795
3	-23431,3595	450,0455
4	-22823,4728	607,8867
5	-22624,6128	198,8600
6	-22207,3884	417,2244
7	-21903,6446	303,7438
8	-21813,0821	90,5625



**Figura 4.** Expressão gráfica da função de probabilidade logarítmica (log-verossimilhança) para a determinação do número de grupos.

#### 5.4. Caracterização de grupos

O grupo I foi composto por 44,3% dos genótipos da progênie CV11 x UENF-20181, por 26,0% da progênie CV8 x CV11, por 15,9% da progênie CV1 x CV11, por 7,8% da progênie 13.4II x UENF-20176 e por 6% da progênie 13.4II x P51 (Tabela 6), um total de 334 genótipos, sendo este o único grupo que alocou genótipos de todos os cruzamentos (

). O grupo II foi composto por 92,2% dos genótipos da progênie 13.4II x P51, por 6,4% da progênie CV11 x UENF-20181 e por 1,4% da progênie CV8 x CV11, totalizando 281 genótipos. O grupo III foi constituído por 59,2% dos genótipos da progênie CV11 x UENF-20181, por 35,4% da progênie 13.4II x UENF-20176 e por 5,4% da progênie 13.4II x P51, totalizando 147 genótipos. Todo o grupo IV foi composto por genótipos da progênie CV1 x CV11, totalizando 123 genótipos.

**Tabela 6.** Composição de cada grupo formado pelo Ward-MLM com genótipos de progênies interespecíficas de Psidium.

<b>Progênies</b>	<b>Grupo 1</b>	<b>Grupo 2</b>	<b>Grupo 3</b>	<b>Grupo 4</b>
<b>CV11 x UENF-20181</b>	44,3%	6,4%	59,2%	-
<b>CV8 x CV11</b>	26,0%	1,4%	-	-
<b>CV1 x CV11</b>	15,9%	-	-	100,0%
<b>13.4II x UENF-20176</b>	7,8%	-	35,4%	-
<b>13.4II x P51</b>	6,0%	92,2%	5,4%	-

**Tabela 7.** Distribuição dos genótipos de Psidium em cada grupo formado pelo método Ward-MLM e o total de genótipos dentro de cada grupo.

<b>Grupo</b>	<b>Genótipos</b>	<b>Total</b>
1	1, 2, 5, 6, 9, 10, 12, 18, 19, 21, 23, 24, 25, 26, 27, 39, 41, 45, 50, 58, 59, 60, 61, 70, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 145, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 222, 229, 230, 231, 233, 234, 245, 249, 250, 251, 252, 253, 254, 256, 258, 260, 267, 280, 284, 290, 467, 482, 495, 516, 520, 536, 537, 562, 566, 569, 582, 583, 584, 585, 586, 592, 593, 595, 596, 597, 599, 600, 601, 602, 603, 604, 605, 606, 607, 608, 609, 610, 611, 612, 613, 614, 615, 616, 617, 619, 620, 621, 622, 623, 624, 625, 626, 627, 628, 629, 630, 631, 632, 633, 634, 635, 636, 638, 639, 640, 641, 642, 643, 645, 646, 647, 648, 651, 652, 653, 654, 656, 657, 658, 660, 663, 664, 666, 667, 668, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 687, 688, 689, 691, 692, 693, 694, 695, 696, 700, 701, 702, 703, 704, 706, 707, 708, 711, 712, 713, 714, 715, 717, 718, 719, 721, 722, 723, 724, 725, 728, 729, 732, 733, 735, 736, 737, 741, 742, 743, 745, 746, 749, 751, 754, 758, 759, 760, 763, 764, 767, 768, 771, 772, 773, 774, 775, 776, 777, 779, 780, 781, 782, 783, 784, 786, 787, 788, 789, 790, 791, 792, 793, 795, 796, 797, 798, 799, 800, 802, 803, 804, 808, 810, 811, 813, 815, 818, 822, 831, 833, 834, 837, 841, 845, 846, 853, 855, 862, 868, 869, 870, 872, 874, 876 e 880	334

Tabela 7. Cont.

Grupo	Genótipos	Total
2	143, 144, 146, 147, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 215, 216, 218, 219, 220, 221, 225, 227, 228, 235, 237, 238, 239, 240, 241, 242, 243, 244, 246, 247, 255, 257, 259, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275, 276, 277, 278, 279, 281, 282, 285, 286, 287, 288, 289, 291, 292, 293, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 301, 302, 303, 304, 305, 306, 307, 308, 309, 310, 311, 312, 313, 314, 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 351, 352, 353, 354, 355, 356, 357, 358, 359, 360, 361, 362, 363, 364, 365, 366, 367, 368, 369, 370, 371, 372, 373, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 391, 392, 393, 394, 395, 396, 397, 398, 399, 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406, 407, 408, 409, 410, 411, 412, 413, 414, 415, 416, 417, 418, 419, 420, 421, 422, 423, 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431, 432, 433, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 442, 443, 444, 445, 446, 447, 448, 449, 450, 451, 452, 453, 454, 455, 456, 697, 698, 738, 739, 740, 747, 748, 750, 755, 757, 761, 762, 765, 794, 823, 824, 830 e 850	281
3	3, 4, 7, 8, 11, 13, 14, 15, 16, 17, 20, 22, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 49, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 217, 223, 224, 226, 232, 236, 248, 283, 637, 644, 649, 650, 655, 659, 661, 662, 665, 669, 685, 686, 690, 699, 705, 709, 710, 716, 720, 726, 727, 730, 731, 734, 744, 752, 753, 756, 766, 769, 770, 778, 785, 801, 805, 806, 807, 809, 812, 814, 816, 817, 819, 820, 821, 825, 826, 827, 828, 829, 832, 835, 836, 838, 839, 840, 842, 843, 844, 847, 848, 849, 851, 852, 854, 856, 857, 858, 859, 860, 861, 863, 864, 865, 866, 867, 871, 873, 875, 877, 878, 879, 881, 882, 883, 884 e 885	147
4	457, 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465, 466, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474, 475, 476, 477, 478, 479, 480, 481, 483, 484, 485, 486, 487, 488, 489, 490, 491, 492, 493, 494, 496, 497, 498, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 511, 512, 513, 514, 515, 517, 518, 519, 521, 522, 523, 524, 525, 526, 527, 528, 529, 530, 531, 532, 533, 534, 535, 538, 539, 540, 541, 542, 543, 544, 545, 546, 547, 548, 549, 550, 551, 552, 553, 554, 555, 556, 557, 558, 559, 560, 561, 563, 564, 565, 567, 568, 570, 571, 572, 573, 574, 575, 576, 577, 578, 579, 580, 581, 587, 588, 589, 590, 591, 594, 598 e 618	123

No grupo I, os genótipos foram representados principalmente pela ausência de pubescência na face abaxial das folhas jovens (52,99%), ausência de torção (96,71%), ausência de pubescência na face abaxial das folhas desenvolvidas



(99,40%), formato oblongo (55,99%), formato de base obtusa (100,00%), formato da ponta obtusa (58,08%), relevo da superfície do lado superior liso (39,22%), curvatura média em secção transversal (45,51%), presença de curvatura da nervura central (57,49%), fraco grau de curvatura da nervura central (59,90%) quando observado, presença de ondulação da margem (58,08%), fraco grau de ondulação da margem (68,04%) quando observado, cor das folhas verde escuro (62,28%) e cor amarela da nervura central no lado inferior (68,26%) ( ).

**Tabela 8.** Distribuição da frequência dos genótipos de cada grupo para as características de quatorze descritores, segundo documento da UPOV.

Descritor	Característica	Grupo			
		I	II	III	IV
<b>Pubescência na face abaxial de folha jovem</b>	Ausente	52,99	16,73	8,16	96,75
	Escassa	23,35	34,52	27,89	2,44
	Média	20,96	39,86	39,46	0,81
	Densa	2,10	8,54	17,01	0,00
	Muito densa	0,60	0,36	7,48	0,00
<b>Torção da folha</b>	Ausente	96,71	98,93	91,16	100,0
	Presente	3,29	1,07	8,84	0,00
<b>Pubescência na face abaxial de folha desenvolvida</b>	Ausente	99,40	97,51	100,0	99,19
	Presente	0,60	2,49	0,00	0,81
<b>Forma de folha</b>	Arredondada	0,00	0,00	0,00	0,00
	Ovalada	0,30	0,00	0,68	0,00
	Obovada	0,30	0,00	0,00	0,00
	Lanceolada	0,00	0,00	0,00	0,00
	Oblanceolada	43,41	1,42	0,68	100,0
	Oblonga	55,99	98,58	98,64	0,00
<b>Forma da base foliar</b>	Obtusa	100,0	100,0	100,0	100,0
	Arredondada	0,00	0,00	0,00	0,00
	Cordada	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>Forma do ápice foliar</b>	Acuminada	0,00	0,00	0,00	0,00
	Cuspidada	0,00	0,00	0,00	0,00
	Aguda	41,92	1,42	0,00	100,0
	Obtusa	58,08	98,58	100,0	0,00
	Arredondada	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>Textura da face axial da folha</b>	Lisa	39,22	1,42	0,68	90,24
	Média	33,83	27,05	42,86	9,76
	Enrugada	26,95	71,53	56,46	0,00

Tabela 8. Cont

Descritor	Característica	Grupo			
		I	II	III	IV
Curvatura na seção transversal	Fraca	39,22	15,30	36,73	27,64
	Média	45,51	51,96	50,34	60,16
	Forte	15,27	32,74	12,93	12,20
Curvatura da nervura central	Ausente	42,51	1,42	0,68	100,0
	Presente	57,49	98,58	99,32	0,00
Grau de curvatura da nervura central	Fraco	59,90	54,51	25,34	0,00
	Médio	30,73	40,79	54,11	0,00
	Forte	9,38	4,69	20,55	0,00
Ondulação da margem	Ausente	41,92	1,42	0,68	99,19
	Presente	58,08	98,58	99,32	0,81
Grau de ondulação da margem	Fraco	68,04	60,65	42,47	100,0
	Médio	27,32	31,05	47,26	0,00
	Forte	4,64	8,30	10,27	0,00
Coloração da folha	Verde acinzentada	0,00	0,36	0,68	0,00
	Verde amarelada	1,50	4,63	2,04	0,00
	Verde	36,23	33,81	36,05	41,46
	Verde escura	62,28	61,21	61,22	58,54
Coloração abaxial da nervura central	Creme	12,57	13,52	14,29	13,01
	Amarela	68,26	80,43	68,71	86,18
	Avermelhada	19,16	6,05	17,01	0,81

O segundo grupo apresentou a maioria dos genótipos com pubescência média no lado inferior das folhas jovens (39,86%), ausência de torção (98,93%), ausência de pubescência na face abaxial das folhas desenvolvidas (97,51%), formato oblongo (98,58%), formato obtuso da base (100,00%), formato obtuso da ponta (98,58%), relevo da superfície do lado superior enrugado (71,53%), curvatura média em seção transversal (51,96%), presença de curvatura da nervura central (98,58%), fraco grau de curvatura da nervura central (54,51%) quando observado, presença de ondulação da margem (98,58%), fraco grau de ondulação da margem (60,65%) quando observado, cor verde-escura das folhas (61,21%) e cor amarela da nervura central do lado inferior (80,43%).

O terceiro grupo representa genótipos com pubescência média no lado inferior das folhas jovens (39,46%), ausência de torção (91,16%), ausência de pubescência na face abaxial das folhas desenvolvidas (100,00%), formato oblongo (98,64%), formato obtuso da base (100,00%), formato obtuso da ponta (100,00%), relevo da superfície do lado superior enrugado (56,46%), curvatura média em seção

transversal (50,43%), presença de curvatura da nervura central (99,32%), grau médio de curvatura da nervura central (54,11%) quando observada, presença de ondulação de margem (99,32%), grau médio de ondulação da margem (47,26%) quando observado, cor verde-escura das folhas (61,22%) e cor amarela da nervura central na parte inferior (68,71%).

O quarto grupo representa genótipos com as seguintes características: ausência de pubescência na face abaxial das folhas jovens (96,75%), ausência de torção (100,00%), ausência de pubescência na face abaxial das folhas desenvolvidas (99,19%), forma oblanceolada (100,00%), forma obtusa da base (100,00%), forma aguda da ponta (100,00%), relevo da superfície do lado superior liso (90,24%), curvatura média em seção transversal (60,16%), ausência de curvatura da nervura central (100,00%), ausência de ondulação da margem (99,19%), fraco grau de ondulação da margem (100,00%) quando observado, cor verde-escura das folhas (58,54%) e cor amarela da nervura central no lado inferior (86,18%).

## **5.5. Estatística descritiva**

O grupo II apresentou a maior média de fator de reprodução, 130,00, e desvio padrão 42,73; o grupo IV apresentou a menor média, 1,11, e desvio padrão 1,08; e os grupos I e III apresentaram médias 4,28 e 6,13, respectivamente, e desvio padrão 9,07 e 9,80, respectivamente (Tabela 9).

Para o número de folhas, a média mais alta pertence ao grupo I, com 42,38 e desvio padrão 19,20, seguido pelo grupo IV, com média 40,27 e desvio padrão 11,65. Os grupos II e III apresentam média de 36,34 e 28,39, respectivamente, e desvio padrão 11,61 e 11,21, respectivamente.

A altura da planta apresentou a maior média para o grupo III, seguida pelos grupos IV, II e I, com valores de 43,71; 37,31; 36,68 e de 29,48 cm, respectivamente, e o desvio padrão desses grupos foi de 9,85; 7,14; 10,92 e de 7,76 cm, respectivamente.

Para a massa da parte aérea, a média mais alta foi registrada pelo grupo IV, com média de 27,44 g e desvio padrão de 9,48 g, sendo a segunda maior média dos grupos I e III, ambas com média de 17,99 e 9,44 g, respectivamente. A média

mais baixa foi registrada pelo grupo II, com 17,90 g de média e 8,55 g de desvio padrão.

**Tabela 9.** Média e desvio-padrão das variáveis quantitativas dos quatro grupos formados pelo procedimento Ward-MLM.

Variável*	I		II		III		IV	
	$\mu^{**}$	$\delta^{***}$	$\mu$	$\delta$	$\mu$	$\delta$	$\mu$	$\delta$
<b>FR</b>	4,28	9,07	130,00	42,73	6,13	9,80	1,11	1,08
<b>NF</b>	42,38	19,20	36,34	11,61	28,39	11,21	40,27	11,65
<b>AP (cm)</b>	29,48	7,76	36,68	10,62	43,71	9,85	37,31	7,14
<b>MA (g)</b>	17,99	9,10	17,90	8,55	17,99	9,44	27,44	9,48
<b>MR (g)</b>	7,49	4,86	5,28	2,38	6,29	2,72	33,85	9,95
<b>VR (mL)</b>	6,27	4,75	4,09	2,36	5,16	2,68	27,60	10,95

\* Fator de Reprodução (FR), Número de Folhas (NF), Altura de Planta (AP), Massa Fresca de Parte Aérea (MA), Massa Fresca de Raiz (MR) e Volume de Raiz (VR);  
 \*\* Média; \*\*\* Desvio padrão.

A maior média de massa de raiz pertence ao grupo IV, com 33,85 g, apresentando 9,95 g de desvio padrão. Os grupos I, III e II apresentam valores de média de 7,49; 6,29 e 5,28 g, respectivamente, com desvio padrão de 4,86; 2,72 e de 2,38 g, respectivamente.

Foi observada classificação similar para o volume de raiz, tendo o grupo IV apresentado média de 27,60 mL e desvio padrão de 10,95 mL, seguido pelo grupo I, com 6,27 mL de média e 4,75 mL de desvio padrão; grupo III, com 5,16 mL de média e 2,68 mL de desvio padrão; e pelo grupo II, com 4,09 mL de média e 2,36 mL de desvio padrão.

De forma geral, o grupo IV apresentou as médias mais elevadas para as massas e as variáveis do volume. O grupo I apresentou a média mais alta para o número de folhas. O grupo II apresentou a maior média para o fator de reprodução. O grupo III apresentou a média mais alta para altura da planta.

O grupo IV obtido neste estudo agrupou os genótipos com o fator de reprodução mais baixo, mas outros grupos também agruparam genótipos resistentes. O grupo IV foi composto apenas por progênies do cruzamento CV1 x CV11, *P. cattleianum* e *P. guineense*, respectivamente. Souza et al. (2014) caracterizaram os acessos de *Psidium*, previamente classificados de acordo com sua reação a *M. enterolobii*, também registraram genótipos resistentes a *M. enterolobii* agrupados em um único grupo, sendo estes genótipos um acesso de *P.*

*cattleianum*. Os genótipos do grupo IV podem ser utilizados para o programa de melhoramento como doadores de genes para a população de goiabeiras.

### 5.6. Correlação canônica

O procedimento CANDISC (Tabela 10), estimou correlação positiva e forte entre o fator de reprodução e a variável canônica 1 (0,841), enquanto a massa de raiz e o volume de raiz apresentaram correlação negativa e forte com a mesma variável canônica (-0,755 e -0,717, respectivamente). Quando analisada a variável canônica 2, a correlação estimada entre ela e o fator de reprodução, massa de raiz e volume de raiz, os resultados foram todos positivos (0,538, 0,601 e 0,548, respectivamente) e não foram tão altos quanto a variável canônica 1, portanto, a segunda variável canônica não representa a correlação entre essas características tão bem como a primeira. O número de características das folhas, a altura da planta e a massa da parte aérea mostram baixos valores de coeficientes de correlação com as duas variáveis canônicas, indicando, assim, ausência de correlações entre essas três variáveis.

**Tabela 10.** Coeficientes de correlações entre as duas primeiras variáveis canônicas formadas pelo procedimento Ward-MLM.

Variáveis	Variáveis Canônicas	
	1	2
FR	0,841	0,538
NF	-0,099	0,000
AP (cm)	0,045	0,172
MA (g)	-0,275	0,255
MR (g)	-0,755	0,601
VR (mL)	-0,717	0,548
<b>Varição</b>	<b>63,39%</b>	<b>31,82%</b>

\* Fator de Reprodução (FR), Número de Folhas (NF), Altura de Planta (AP), Massa Fresca de Parte Aérea (MA), Massa de Raiz (MR) e Volume de Raiz (VR).

A estimativa de autovalores acumulados das duas primeiras variáveis canônicas obtidas neste estudo representa 95,21% da variação total. É um valor acima do sugerido por Cruz et al. (2014), que afirmam que estimativa acima de 80% é satisfatória para interpretação de variabilidade entre acessos.

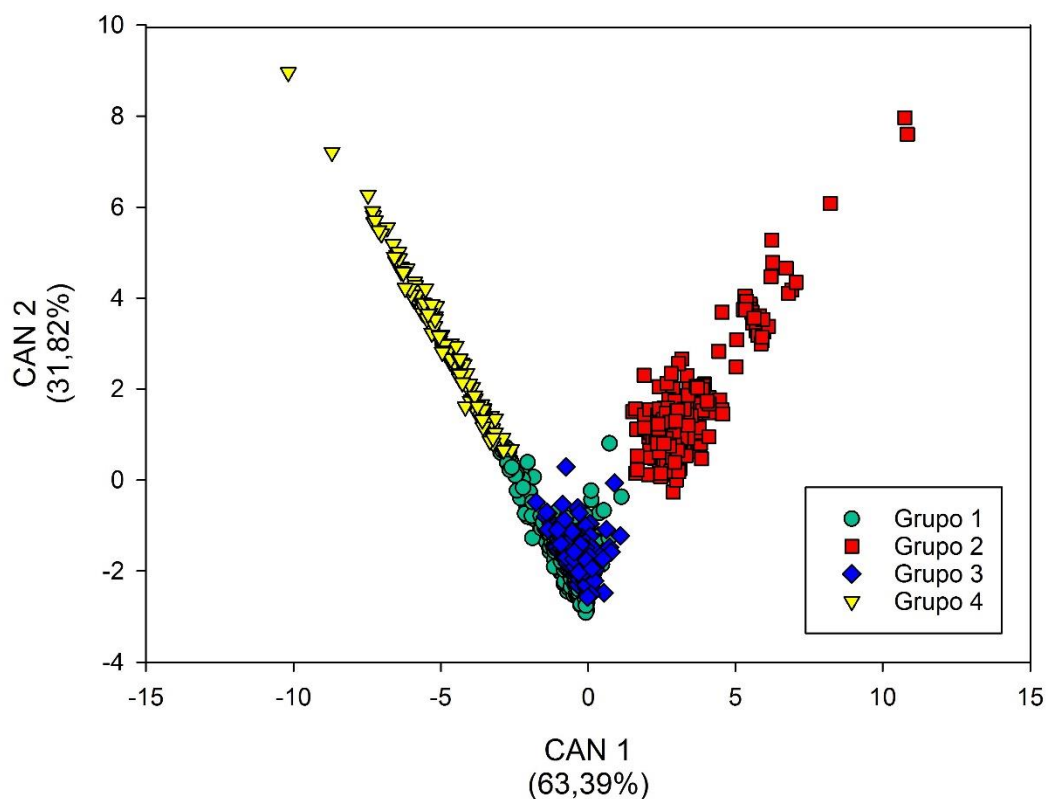
A correlação estimada entre as seis variáveis quantitativas mostrou que o fator de reprodução do nematoide apresenta alta correlação negativa com as variáveis do sistema radicular na primeira variável canônica. É uma evidência de que o *M. enterolobii* pode limitar o desenvolvimento de plantas em fases iniciais. Segundo Carneiro et al. (2001), um dos sintomas primários causados por *M. enterolobii* é a necrose em todos os tipos de tecidos radiculares, o que, conseqüentemente, leva a perdas de raízes finas de absorção, desta forma, os genótipos infectados têm baixa massa e volume de raízes em comparação com os genótipos resistentes.

### 5.7. Distância entre grupos

De acordo com o método de Ward-MLM, a estimativa da distância entre grupos, Tabela 11, tendo como base a distância generalizada de Mahalanobis, mostra o grupo II apresentou maior distância que o grupo IV (70,95), enquanto os grupos mais semelhantes foram I e III (5,77). Os grupos I e II apresentaram valores de distância de 26,83, enquanto os grupos I e IV apresentaram valor de distância de 40,68, os grupos II e III apresentaram valor de distância 26,26 e os grupos III e IV apresentaram valor de distância de 45,06 (Figura 5). Gráfico de dispersão dos grupos em função das variáveis canônicas obtidas pelo procedimento Ward-MLM.).

**Tabela 11.** Separação dos grupos pelo procedimento Ward-MLM, tendo como base a Distância de Mahalanobis.

<b>Grupos</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>
<b>1</b>	-	26,83	5,77	40,68
<b>2</b>		-	26,26	70,95
<b>3</b>			-	45,06
<b>4</b>				-



**Figura 5.** Gráfico de dispersão dos grupos em função das variáveis canônicas obtidas pelo procedimento Ward-MLM.

A distância do grupo II, composta principalmente por progênies de *P. cattleianum* x *P. guajava*, e o grupo IV, composto por grande número de genótipos resistentes, foi alta e pode ser representada em uma grande resposta heterótica ao considerar genótipos desses dois grupos para avançar o programa de melhoramento da goiaba visando à resistência a *M. enterolobii*.

Barbé et al. (2010) avaliaram a diversidade através do Ward-MLM de 120 linhagens de feijão-vagem conduzidas via SSD até a geração F6:7 após seleção precoce na F2 e concluíram que a genealogia e os grupos formados foram correlacionados em razão da baixa taxa de ausência de parentesco dentro dos grupos. Paiva et al. (2014) utilizaram esta metodologia para distinguir 11 espécies dentro do gênero *Passiflora*, havendo clara separação entre as espécies, sendo os caracteres florais os que mais contribuíram para a diversidade genética dos acessos, tendo concluído ainda que a alta diversidade encontrada no gênero pode ser explorada em programas de melhoramento do maracujazeiro. Silva et al. (2014)

utilizaram o Ward-MLM como estratégia para definir grupos heteróticos e, em seguida, avançar as gerações de irmãos-completos de maracujazeiros em programa de seleção recorrente interespecífico.

Segundo Campos et al. (2013), o método Ward-MLM é eficiente para estimar a divergência entre acessos, considerando, ao mesmo tempo, características de diferentes naturezas.



## 6. CONCLUSÕES

Os cruzamentos visando à introgressão de genes resistentes apresentaram os melhores resultados para as progênes de *P. cattleianum* x *P. guineense*, em comparação com as progênes de *P. cattleianum* x *P. guajava*, mas as taxas de germinação foram maiores em progênes de *P. guajava* x *P. cattleianum*.

O grupo IV agrupou os genótipos mais resistentes, sendo estes da progênie *P. cattleianum* x *P. guineense*. Este grupo e as progênes de *P. cattleianum* x *P. guajava* do grupo II podem conduzir a próxima geração do programa de melhoramento, pela distância entre estes dois grupos, o que pode resultar em grandes ganhos genéticos.

A susceptibilidade influencia negativamente a massa fresca e o volume das raízes.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida, A. M., Gomes, V. M., Souza, R. M. (2011) Greenhouse and field assessment of rhizobacteria to control guava decline. *Bragantia*, 70(4):837–842.
- Almeida, A. M., Souza, R. M., Gomes, V. M., Miranda, G. B. (2012) Greenhouse and field assessment of different organic compounds against guava-parasitic *Meloidogyne enterolobii*. *Bragantia*, 71(1):67–74.
- Almeida, E. J. de, Santos, J. M. dos, Martins, A. B. G. (2009) Resistência de goiabeiras e araçazeiros a *Meloidogyne mayaguensis*. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 44(4):421–423.
- Altoé, J. A., Marinho, C. S., Terra, M. I. da C., Barroso, D. G. (2011) Propagação de araçazeiro e goiabeira via miniestaquia de material juvenil. *Bragantia*, 70(2):312–318.
- Alves, J. E., Freitas, B. M. (2007) Requerimentos de polinização da goiabeira. *Ciência Rural*, 37(5):1281–1286.
- Amaral Junior, A. T. do, Viana, A. P., Gonçalves, L. S. A., Barbosa, C. D. (2010) Procedimentos multivariados em recursos genéticos vegetais. In T. N. S. Pereira (Ed.), *Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas*. Viçosa: Arka (1ª, p. 250).

- Atchison, E. (1947) Chromosome Numbers in the Myrtaceae. *Am. J. Bot.*, 34(3):159–164.
- Barbé, T. da C., Amaral Júnior, A. T. do, Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Scapim, C. A. (2010) Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-modified location model. *Euphytica*, 173(3):337–343.
- Biazatti, M. A., Souza, R. M. de, Marinho, C. S., Guilherme, D. de O., Campos, G. S., Gomes, V. M., Bremenkamp, C. A. (2016) Resistência de genótipos de araçazeiros a *Meloidogyne enterolobii*. *Ciência Rural*, 46(3):418–420.
- Bremenkamp, C. A., Marinho, C. S., Campos, G. S. (2016) Phenological characteristics of genotypes from cattley guava and guava trees submitted to fructification pruning. *Rev. Bras. Frutic.*, 38(4):e-727.
- Burla, R. S., Souza, R. M., Gomes, V. M., Corrêa, F. M. (2010) Comparação entre níveis de inóculo, épocas de avaliação e variáveis para seleção de *Psidium* spp. visando à resistência a *Meloidogyne mayaguensis*. *Nematol. Bras.*, 34(2):82–90.
- Burla, R. S., Souza, R. M. de, Gonçalves Junior, S., Pereira, F. O. M. (2007) Reação de acessos de *Psidium* spp. a *Meloidogyne mayaguensis*. *Nematol. Bras.*, 31(2):127–128.
- Buzar, A. G. R., Oliveira, V. R., Boiteux, L. S. (2007) Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. *Hortic. Bras.*, 25(4):527–532.
- 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. *Rev. Bras. Frutic.*, 38(1):151–157.
- Campos, B. M., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Gonçalves, L. S. A., Pessanha, P. G. de O. (2013) Quantificação da divergência genética entre acessos e goiabeira por meio da estratégia Ward-MLM. *Rev. Bras. Frutic.*, 35(2):087–094.
- Campos, V. P. (1997) Controle de doenças: Doenças causadas por nematoides. In

- F. X. R. do Vale & L. Zambolim (Eds.), *Controle de doenças de plantas: grandes culturas*. Viçosa: UFV - Departamento de Fitopatologia (1st ed., p. 553).
- Campos, V. P., Villain, L. (2005) Nematode parasites of coffee and cocoa. In M. Luc, R. A. Sikora, & J. Bridge (Eds.), *Plant Parasitic Nematode in Subtropical and Tropical Agriculture*. Wallingford: CABI (2º, pp. 529–579).
- Carneiro, R. M. D. G., Almeida, M. R. A. (2001) Técnica de eletroforese usada no estudo de enzimas dos nematoides de galha para identificação de espécies. *Nematol. Bras.*, 25(1):35–44.
- Carneiro, R. M. D. G., Cirotto, P. A., Quintanilha, A. P., Silva, D. B., Carneiro, R. G. (2007) Resistance to *Meloidogyne mayaguensis* in *Psidium* spp. accessions and their grafting compatibility with *P. guajava* cv. Paluma. *Fitopatol. Bras.*, 32(4):281–284.
- Carneiro, R. M. D. G., Moreira, W. A., Almeida, M. R. A., Gomes, A. C. M. M. (2001) Primeiro registro de *Meloidogyne mayanguensis* em goiabeira no Brasil. *Nematol. Bras.*, 25(2):223–228.
- Corrêa, M. C. D. M., Prado, R. D. M., Natale, W., Decarlos Neto, A., Silva, M. A. C. Da. (2004) Aspectos morfofisiológicos da goiabeira cultivar Paluma. *Acta Sci. Agron.*, 26(1):67–71.
- Costa, S. R., Santos, C. A. F., Castro, J. M. C. (2012) Assessing *Psidium guajava* x *P. guineense* hybrids tolerance to *Meloidogyne enterolobii*. *Acta Hortic.*, 959:59–66.
- Costa, I. R. da, Forni-Martins, E. R. (2006) Chromosome studies in Brazilian species of *Campomanesia* Ruiz & Pávon and *Psidium* L. (Myrtaceae Juss.). *Caryologia*, 59(1):7–13.
- Cotter, H. V. T., Hicks, C. B., Simmons, J. A. (2003) Multiple egg harvests from *Meloidogyne*-infested tomato root systems. *J. Nematol.*, 35(3):331.
- Crossa, J., Franco, J. (2004) Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica*, 137(1):19–37.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) *Modelos biométricos aplicados*

ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV (3<sup>a</sup>).

Costa, I. R., Dornelas, M. C., Forni-Martins, E. R. (2008) Nuclear genome size variation in fleshy-fruited neotropical Myrtaceae. *Plant Syst. Evol.*, 276(3–4):209–217.

Costa, S. R., Santos, C. A. F. (2013) Allelic database and divergence among *Psidium* accessions by using microsatellite markers. *Genet. Mol. Res.*, 12(4):6802–6812.

European and Mediterranean Plant Protection Organization. (2011) Report of a Pest Risk Analysis for *Meloidogyne enterolobii*.

Falconer, D. S. (1989) *Introduction to Quantitative Genetics*. Hong Kong: Longman Scientific & Technical (3<sup>a</sup>).

Ferraz, L. C. C. B., Monteiro, A. R. (1995) Nematoides. In A. Bergamin Filho, H. Kimati, & L. Amorim (Eds.), *Manual de fitopatologia: princípios e conceitos*. Piracicaba: CERES (3<sup>a</sup>, pp. 168–201).

Ferreira, P., Mendes, C., Reis, S., Rodrigues, C., Oliveira, D. (2011) Morphoanatomy, histochemistry and phytochemistry of *Psidium guineense* Sw. (Myrtaceae) leaves. *Biologia (Bratisl)*., 4(4):942–944.

Franco, J., Crossa, J., Villaseñor, J., Taba, S., Eberhart, S. A. (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Sci.*, 38(6):1688–1696.

Freitas, J. C. O., Viana, A. P., Santos, E. A., Silva, F. H. L., Paiva, C. L., Rodrigues, R., ... Eiras, M. (2015) Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). *Trop. Plant Pathol.*, 40(5):291–297.

Gomes, V. M., Ribeiro, R. M., Viana, A. P., de Souza, R. M., Santos, E. A., Rodrigues, D. L., de Almeida, O. F. (2016) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *Eur. J. Plant Pathol.*, :1–10.

Gomes, V. M., Souza, R. M., Midorikawa, G., Miller, R., Almeida, A. M. (2012)

- Guava Decline: evidence of nationwide incidence in Brazil. *Nematropica*, 42(1):153–162.
- Gomes, V. M., Souza, R. M., Mussi-Dias, V., Silveira, S. F. da, Dolinski, C. (2011) Guava decline: A complex disease involving *Meloidogyne mayaguensis* and *Fusarium solani*. *J. Phytopathol.*, 159(1):45–50.
- Gomes, V. M., Souza, R. M., Silva, M. M., Dolinski, C. (2008) Caracterização do estado nutricional de goiabeiras em declínio parasitadas por *Meloidogyne mayaguensis* \*. *Nematol. Bras.*, 32(2):154–160.
- Goncalves, L. S. A., Rodrigues, R., Do Amaral Junior, A. T., Karasawa, M., Sudre, C. P. (2009) Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. *Genet. Mol. Res.*, 8(1):364–374.
- Gonzaga Neto, L. (2007) Produção de goiaba :64.
- Gouveia, J. P. G. de, Almeida, F. de A. C., Medeiros, B. G. de S., Ribeiro, C. de F. A., Duarte, S. M. A. (2004) Determinação de características físico-químicas da goiaba: goiabeiras adubadas no semi-árido da Paraíba. *Rev. Bras. Prod. Agroindustriais*, 6(1):35–38.
- Govaerts, R., Sobral, M., Ashton, P., Barrie, F., Holst, B. K., Landrum, L. L., ... Lucas, E. (2015) World Checklist of Myrtaceae.
- Govindaraj, M., Vetriventhan, M., Srinivasan, M., Govindaraj, M., Vetriventhan, M., Srinivasan, M. (2015) Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genet. Res. Int.*, 2015(Figure 1):1–14.
- Gower, J. C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27(4):857–871.
- Iha, S. M., Migliato, K. F., Velloso, J. C. R., Sacramento, L. V. S., Pietro, R. C. L. R., Isaac, V. L. B., ... Salgado, H. R. N. (2008) Estudo fitoquímico de goiaba (*Psidium guajava* L.) com potencial antioxidante para o desenvolvimento de formulação fitocosmética. *Brazilian J. Pharmacogn.*, 18(3):387–393.

- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A., Palladino, M. A. (2010) *Conceitos de genética*. (M. R. B. Osório & R. Fisher, Eds.). Porto Alegre: Artmed (9ª, Vol. 1).
- Krzanowski, W. J. (1983) Distance between populations using mixed continuous and categorical variables. *Biometrika*, 70(1):235–243.
- Lima, I. M., Dolinski, C., Souza, R. M. de. (2003) Dispersão de *Meloidogyne mayaguensis* em goiabais de São João da Barra (RJ) e relato de novos hospedeiros dentre plantas invasoras e cultivadas. *Nematol. Bras.*, 27(2):257–258.
- Maranhão, S. R. V. L., Moura, R. M. de, Pedrosa, E. M. R. (2001) Reação de indivíduos segregantes de goiabeira a *Meloidogyne incognita* raça 1 e *M. mayaguensis*. *Nematol. Bras.*, 25(2):191–195.
- Maranhão, S. R. V. L., Moura, R. M. de, Pedrosa, E. M. R. (2003) Reação de indivíduos segregantes de araçazeiro a *Meloidogyne incognita* raça 1, *M. javanica* e *M. mayaguensis*. *Nematol. Bras.*, 27(2):173–178.
- Marques, M. da S., Pimentel, J. (2012) Hospedabilidade de diferentes espécies de plantas a *Meloidogyne enterolobii* no Estado do Rio De Janeiro. *Nematropica*, 42(2):304–313.
- Martins, K. C., Pereira, T. N. S., Souza, S. A. M., Rodrigues, R., do Amaral Junior, A. T. (2015) Crossability and evaluation of incompatibility barriers in crosses between capsicum species. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 15(3):139–145.
- Martins, L. S. S., Musser, R. dos S., Souza, A. das G., Resende, L. V., Maluf, W. R. (2013) Parasitismo de *Meloidogyne enterolobii* em espécies de Myrtaceae. *Rev. Bras. Frutic.*, 35(2):477–484.
- Martins, V., Moreira, R., Macedo, A. (2014) Relationships between *M. enterolobii* and *F. solani*: spatial and temporal dynamics in the occurrence of guava decline. *Nematoda*, 1: e01014:1–5.
- Matusita, K. (1955) Decision rules, based on the distance, for problems of fit, two samples, and estimation. *Ann. Math. Stat.*, 26(4):631–640.

- Miranda, G. B., Souza, R. M., Viana, A. P. (2011) Assessment of methods and criteria for screening *Psidium* spp. for resistance to *Meloidogyne enterolobii*. *Nematol. Bras. Piracicaba Bras.*, 34(4):211–219.
- Miranda, G. B., Souza, R. M. De, Gomes, V. M. (2012) Avaliação de acessos de *Psidium* spp. quanto à resistência a *Meloidogyne enterolobii*. *Bragantia*, 71(1):52–58.
- Moura, R. M. de. (1996) Gênero *Meloidogyne* - Parte1.pdf. In W. C. da Luz (Ed.), *Revisão anual de patologia de plantas*. Passo Fundo: RAPP (4th ed., pp. 209–244).
- Okamoto, A., Ureshino, K. (2015) Pre- and post-fertilization barriers in interspecific hybridization between evergreen azalea species and *Rhododendron uwaense* H. Hara & T. Yamanaka. *Hortic. J.*, 84(4):355–364.
- Oliveira, N. N. S. de, Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Paiva, C. L., Marinho, C. S. (2014) Análise de distância genética entre acessos do gênero *Psidium* spp. via marcadores ISSR. *Rev. Bras. Frutic.*, 36(4):917–923.
- Oostenbrink, M. (1966) Major characteristics of the relation between nematodes and plants. *Meded. Landbouwhogesch. Wageningen*, 66:1–46.
- Paiva, C. L., Viana, A. P., Santos, E. A., Silva, R. N. O., Oliveira, E. J. de. (2014) Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia Ward-MLM. *Rev. Bras. Frutic.*, 36(2):381–390.
- Parton, E., Vervaeke, I., Deroose, R., De Proft, M. P. (2001) Interspecific and intergeneric fertilization barriers in Bromeliaceae. *Acta Hortic.*, 552:43–53.
- Pereira, F. M., Kavati, R. (2011) Contribuição da pesquisa científica brasileira no desenvolvimento de algumas frutíferas de clima subtropical. *Rev. Bras. Frutic.*, Especial(E):092–108.
- Pereira, F. O., Moreira de Souza, R., Souza, P. M., Dolinski, C., Santos, G. K. (2009) Estimativa do impacto econômico e social direto de *Meloidogyne mayaguensis* na cultura da goiaba no Brasil. *Nematol. Bras. Piracicaba Bras.*, 33(2):176–181.



- Pessanha, P. G. de O., Viana, A. P., Amaral Junior, A. T. do, Souza, R. M. de, Teixeira, M. C., Pereira, M. G. (2011) Avaliação da diversidade genética em acessos de *Psidium* spp. via marcadores RAPD. *Rev. Bras. Frutic.*, 33(1):129–136.
- Powell, N. T. (1971) Interactions between nematodes and fungi in disease complexes. *Annu. Rev. Phytopathology*, 9(3410):253–274.
- Quintal, S. S. R. (2013) *Melhoramento da goiabeira P. guajava via metodologia de modelos mistos*. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Rammah, a, Hirschmann, H. (1988) *Meloidogyne mayaguensis* n. sp. (Meloidogynidae), a root-knot nematode from Puerto Rico. *J. Nematol.*, 20(1):58–69.
- Risterucci, A. M., Duval, M. F., Rohde, W., Billotte, N. (2005) Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Mol. Ecol. Notes*, 5(4):745–748.
- Robaina, R. R., Campos, G. S., Souza, R. M. (2015) Grafting guava on cattley guava resistant to *Meloidogyne enterolobii*. *Ciência Rural*, 45(9):1579–1584.
- Robaina, R. R., Marinho, C. S., Souza, R. M. de, Campos, G. S. (2012) Subenxertia da goiabeira “Paluma” com araçazeiros resistentes a *Meloidogyne enterolobii* ( sin . *M. mayaguensis* ). *Rev. Bras. Frutic.*, 34(3):951–955.
- Santos, C. A. F., Corrêa, L. C., Costa, S. R. Da. (2011) Genetic divergence among *Psidium* accessions based on biochemical and agronomic variables. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 11(2):149–156.
- SAS. (2011) SAS/STAT 9.3 User’s Guide. *User’s Guid. SAS Inst. Inc., Cary, NC.*.
- Silva, F. H. de L., Viana, A. P., Ferreira, R. T., Santos, J. O., Rodrigues, D. L. (2014) Measurement of genetic diversity in progenies of sour passion fruit by Ward-MLM methodology: a strategy for heterotic group formation. *Cienc. E Agrotecnologia*, 38(3):240–246.
- Silva, J. F. V. (2001) Relações parasito-hospedeiro nas Meloidoginoses da Soja. *As Meloidoginoses Da Soja Passado, Present. E Futur.*.

- Silva, L. D. S. A., Medeiros, J. de D. (2005) Anatomia foliar comparativa de *Psidium cattleianum* Sab. (Myrtaceae). *Biologia (Bratisl)*., 34:15–38.
- Silva, A. L. da, Mendes, A. M. S., Oliveira, A. R. de, Paranhos, B. A. J., Santos, C. A. F., Silva, D. J., ... Petreire, V. G. (2010) *A cultura da goiaba*. (F. R. Barbosa & M. F. Lima, Eds.). Brasília: Embrapa Informação Tecnológica (2ª).
- Singh, S., Singh, B., Singh, A. P. (2015) Nematodes: A threat to sustainability of agriculture. *Procedia Environ. Sci.*, 29(Agri):215–216.
- Souza, A. das G., Resende, L. V., Lima, I. P. de, Santos, R. M. dos, Chalfun, N. N. J. (2014) Variabilidade genética de acessos de araçazeiros e goiabeira. *Ciência Rural*, 44(5):822–829.
- Souza, R. M., Nogueira, M. S., Lima, I. M., Melarato, M., Dolinsk, C. M. (2006) Manejo do nematoide das galhas da goiabeira em São João da Barra e relato de novos hospedeiros. *Nematol. Bras.*, 30(2):165–169.
- Souza, A. das G. de, Resende, L. V., Lima, I. P. de, Martins, L. S. S., Techio, V. H. (2015) Chromosome number and nuclear DNA amount in *Psidium* spp. resistant and susceptible to *Meloidogyne enterolobii* and its relation with compatibility between rootstocks and commercial varieties of guava tree. *Plant Syst. Evol.*, 301(1):231–237.
- Taylor, A., Sasser, J. (1978) *Biology, Identification and Control of Root-knot Nematodes (Meloidogyne species)*. NC: United States Agency for International .... Raleigh: North Carolina State University Graphics.
- Ward, J. H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J. Am. Stat. Assoc.*, 58(301):236–244.
- Yang, B., Eisenback, J. D. (1983) *Meloidogyne enterolobii* n. sp. (Meloidogynidae), a root-knot nematode parasitizing Pacara Earpod Tree in China. *J. Nematol.*, 15(3):381–391.

## APÉNDICE

**Tabela 12A.** Genótipos de Psidium e suas progênes avaliados para estudo de diversidade genética.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
13.4II x UENF-20176	1	1	13.4II x UENF-20176	39	39
13.4II x UENF-20176	2	2	13.4II x UENF-20176	40	40
13.4II x UENF-20176	3	3	13.4II x UENF-20176	41	41
13.4II x UENF-20176	4	4	13.4II x UENF-20176	42	42
13.4II x UENF-20176	5	5	13.4II x UENF-20176	43	43
13.4II x UENF-20176	6	6	13.4II x UENF-20176	44	44
13.4II x UENF-20176	7	7	13.4II x UENF-20176	45	45
13.4II x UENF-20176	8	8	13.4II x UENF-20176	46	46
13.4II x UENF-20176	9	9	13.4II x UENF-20176	47	47
13.4II x UENF-20176	10	10	13.4II x UENF-20176	48	48
13.4II x UENF-20176	11	11	13.4II x UENF-20176	49	49
13.4II x UENF-20176	12	12	13.4II x UENF-20176	50	50
13.4II x UENF-20176	13	13	13.4II x UENF-20176	51	51
13.4II x UENF-20176	14	14	13.4II x UENF-20176	52	52
13.4II x UENF-20176	15	15	13.4II x UENF-20176	53	53
13.4II x UENF-20176	16	16	13.4II x UENF-20176	54	54
13.4II x UENF-20176	17	17	13.4II x UENF-20176	55	55
13.4II x UENF-20176	18	18	13.4II x UENF-20176	56	56
13.4II x UENF-20176	19	19	13.4II x UENF-20176	57	57
13.4II x UENF-20176	20	20	13.4II x UENF-20176	58	58
13.4II x UENF-20176	21	21	13.4II x UENF-20176	59	59
13.4II x UENF-20176	22	22	13.4II x UENF-20176	60	60
13.4II x UENF-20176	23	23	13.4II x UENF-20176	61	61
13.4II x UENF-20176	24	24	13.4II x UENF-20176	62	62
13.4II x UENF-20176	25	25	13.4II x UENF-20176	63	63
13.4II x UENF-20176	26	26	13.4II x UENF-20176	64	64
13.4II x UENF-20176	27	27	13.4II x UENF-20176	65	65
13.4II x UENF-20176	28	28	13.4II x UENF-20176	66	66
13.4II x UENF-20176	29	29	13.4II x UENF-20176	67	67
13.4II x UENF-20176	30	30	13.4II x UENF-20176	68	68
13.4II x UENF-20176	31	31	13.4II x UENF-20176	69	69
13.4II x UENF-20176	32	32	13.4II x UENF-20176	70	70
13.4II x UENF-20176	33	33	13.4II x UENF-20176	71	71
13.4II x UENF-20176	34	34	13.4II x UENF-20176	72	72
13.4II x UENF-20176	35	35	13.4II x UENF-20176	73	73
13.4II x UENF-20176	36	36	13.4II x UENF-20176	74	74
13.4II x UENF-20176	37	37	13.4II x UENF-20176	75	75
13.4II x UENF-20176	38	38	13.4II x UENF-20176	76	76

Tabela 12. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
<b>13.4II x UENF-20176</b>	77	77	<b>CV8 x CV11</b>	38	116
<b>13.4II x UENF-20176</b>	78	78	<b>CV8 x CV11</b>	39	117
<b>CV8 x CV11</b>	1	79	<b>CV8 x CV11</b>	40	118
<b>CV8 x CV11</b>	2	80	<b>CV8 x CV11</b>	41	119
<b>CV8 x CV11</b>	3	81	<b>CV8 x CV11</b>	42	120
<b>CV8 x CV11</b>	4	82	<b>CV8 x CV11</b>	43	121
<b>CV8 x CV11</b>	5	83	<b>CV8 x CV11</b>	44	122
<b>CV8 x CV11</b>	6	84	<b>CV8 x CV11</b>	45	123
<b>CV8 x CV11</b>	7	85	<b>CV8 x CV11</b>	46	124
<b>CV8 x CV11</b>	8	86	<b>CV8 x CV11</b>	47	125
<b>CV8 x CV11</b>	9	87	<b>CV8 x CV11</b>	48	126
<b>CV8 x CV11</b>	10	88	<b>CV8 x CV11</b>	49	127
<b>CV8 x CV11</b>	11	89	<b>CV8 x CV11</b>	50	128
<b>CV8 x CV11</b>	12	90	<b>CV8 x CV11</b>	51	129
<b>CV8 x CV11</b>	13	91	<b>CV8 x CV11</b>	52	130
<b>CV8 x CV11</b>	14	92	<b>CV8 x CV11</b>	53	131
<b>CV8 x CV11</b>	15	93	<b>CV8 x CV11</b>	54	132
<b>CV8 x CV11</b>	16	94	<b>CV8 x CV11</b>	55	133
<b>CV8 x CV11</b>	17	95	<b>CV8 x CV11</b>	56	134
<b>CV8 x CV11</b>	18	96	<b>CV8 x CV11</b>	57	135
<b>CV8 x CV11</b>	19	97	<b>CV8 x CV11</b>	58	136
<b>CV8 x CV11</b>	20	98	<b>CV8 x CV11</b>	59	137
<b>CV8 x CV11</b>	21	99	<b>CV8 x CV11</b>	60	138
<b>CV8 x CV11</b>	22	100	<b>CV8 x CV11</b>	61	139
<b>CV8 x CV11</b>	23	101	<b>CV8 x CV11</b>	62	140
<b>CV8 x CV11</b>	24	102	<b>CV8 x CV11</b>	63	141
<b>CV8 x CV11</b>	25	103	<b>CV8 x CV11</b>	64	142
<b>CV8 x CV11</b>	26	104	<b>CV8 x CV11</b>	65	143
<b>CV8 x CV11</b>	27	105	<b>CV8 x CV11</b>	66	144
<b>CV8 x CV11</b>	28	106	<b>CV8 x CV11</b>	67	145
<b>CV8 x CV11</b>	29	107	<b>CV8 x CV11</b>	68	146
<b>CV8 x CV11</b>	30	108	<b>CV8 x CV11</b>	69	147
<b>CV8 x CV11</b>	31	109	<b>CV8 x CV11</b>	70	148
<b>CV8 x CV11</b>	32	110	<b>CV8 x CV11</b>	71	149
<b>CV8 x CV11</b>	33	111	<b>CV8 x CV11</b>	72	150
<b>CV8 x CV11</b>	34	112	<b>CV8 x CV11</b>	73	151
<b>CV8 x CV11</b>	35	113	<b>CV8 x CV11</b>	74	152
<b>CV8 x CV11</b>	36	114	<b>CV8 x CV11</b>	75	153
<b>CV8 x CV11</b>	37	115	<b>CV8 x CV11</b>	76	154

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV8 x CV11	77	155	13.4II x P51	25	194
CV8 x CV11	78	156	13.4II x P51	26	195
CV8 x CV11	79	157	13.4II x P51	27	196
CV8 x CV11	80	158	13.4II x P51	28	197
CV8 x CV11	81	159	13.4II x P51	29	198
CV8 x CV11	82	160	13.4II x P51	30	199
CV8 x CV11	83	161	13.4II x P51	31	200
CV8 x CV11	84	162	13.4II x P51	32	201
CV8 x CV11	85	163	13.4II x P51	33	202
CV8 x CV11	86	164	13.4II x P51	34	203
CV8 x CV11	87	165	13.4II x P51	35	204
CV8 x CV11	88	166	13.4II x P51	36	205
CV8 x CV11	89	167	13.4II x P51	37	206
CV8 x CV11	90	168	13.4II x P51	38	207
CV8 x CV11	91	169	13.4II x P51	39	208
13.4II x P51	1	170	13.4II x P51	40	209
13.4II x P51	2	171	13.4II x P51	41	210
13.4II x P51	3	172	13.4II x P51	42	211
13.4II x P51	4	173	13.4II x P51	43	212
13.4II x P51	5	174	13.4II x P51	44	213
13.4II x P51	6	175	13.4II x P51	45	214
13.4II x P51	7	176	13.4II x P51	46	215
13.4II x P51	8	177	13.4II x P51	47	216
13.4II x P51	9	178	13.4II x P51	48	217
13.4II x P51	10	179	13.4II x P51	49	218
13.4II x P51	11	180	13.4II x P51	50	219
13.4II x P51	12	181	13.4II x P51	51	220
13.4II x P51	13	182	13.4II x P51	52	221
13.4II x P51	14	183	13.4II x P51	53	222
13.4II x P51	15	184	13.4II x P51	54	223
13.4II x P51	16	185	13.4II x P51	55	224
13.4II x P51	17	186	13.4II x P51	56	225
13.4II x P51	18	187	13.4II x P51	57	226
13.4II x P51	19	188	13.4II x P51	58	227
13.4II x P51	20	189	13.4II x P51	59	228
13.4II x P51	21	190	13.4II x P51	60	229
13.4II x P51	22	191	13.4II x P51	61	230
13.4II x P51	23	192	13.4II x P51	62	231
13.4II x P51	24	193	13.4II x P51	63	232

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
13.4II x P51	64	233	13.4II x P51	103	272
13.4II x P51	65	234	13.4II x P51	104	273
13.4II x P51	66	235	13.4II x P51	105	274
13.4II x P51	67	236	13.4II x P51	106	275
13.4II x P51	68	237	13.4II x P51	107	276
13.4II x P51	69	238	13.4II x P51	108	277
13.4II x P51	70	239	13.4II x P51	109	278
13.4II x P51	71	240	13.4II x P51	110	279
13.4II x P51	72	241	13.4II x P51	111	280
13.4II x P51	73	242	13.4II x P51	112	281
13.4II x P51	74	243	13.4II x P51	113	282
13.4II x P51	75	244	13.4II x P51	114	283
13.4II x P51	76	245	13.4II x P51	115	284
13.4II x P51	77	246	13.4II x P51	116	285
13.4II x P51	78	247	13.4II x P51	117	286
13.4II x P51	79	248	13.4II x P51	118	287
13.4II x P51	80	249	13.4II x P51	119	288
13.4II x P51	81	250	13.4II x P51	120	289
13.4II x P51	82	251	13.4II x P51	121	290
13.4II x P51	83	252	13.4II x P51	122	291
13.4II x P51	84	253	13.4II x P51	123	292
13.4II x P51	85	254	13.4II x P51	124	293
13.4II x P51	86	255	13.4II x P51	125	294
13.4II x P51	87	256	13.4II x P51	126	295
13.4II x P51	88	257	13.4II x P51	127	296
13.4II x P51	89	258	13.4II x P51	128	297
13.4II x P51	90	259	13.4II x P51	129	298
13.4II x P51	91	260	13.4II x P51	130	299
13.4II x P51	92	261	13.4II x P51	131	300
13.4II x P51	93	262	13.4II x P51	132	301
13.4II x P51	94	263	13.4II x P51	133	302
13.4II x P51	95	264	13.4II x P51	134	303
13.4II x P51	96	265	13.4II x P51	135	304
13.4II x P51	97	266	13.4II x P51	136	305
13.4II x P51	98	267	13.4II x P51	137	306
13.4II x P51	99	268	13.4II x P51	138	307
13.4II x P51	100	269	13.4II x P51	139	308
13.4II x P51	101	270	13.4II x P51	140	309
13.4II x P51	102	271	13.4II x P51	141	310

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
13.4II x P51	142	311	13.4II x P51	181	350
13.4II x P51	143	312	13.4II x P51	182	351
13.4II x P51	144	313	13.4II x P51	183	352
13.4II x P51	145	314	13.4II x P51	184	353
13.4II x P51	146	315	13.4II x P51	185	354
13.4II x P51	147	316	13.4II x P51	186	355
13.4II x P51	148	317	13.4II x P51	187	356
13.4II x P51	149	318	13.4II x P51	188	357
13.4II x P51	150	319	13.4II x P51	189	358
13.4II x P51	151	320	13.4II x P51	190	359
13.4II x P51	152	321	13.4II x P51	191	360
13.4II x P51	153	322	13.4II x P51	192	361
13.4II x P51	154	323	13.4II x P51	193	362
13.4II x P51	155	324	13.4II x P51	194	363
13.4II x P51	156	325	13.4II x P51	195	364
13.4II x P51	157	326	13.4II x P51	196	365
13.4II x P51	158	327	13.4II x P51	197	366
13.4II x P51	159	328	13.4II x P51	198	367
13.4II x P51	160	329	13.4II x P51	199	368
13.4II x P51	161	330	13.4II x P51	200	369
13.4II x P51	162	331	13.4II x P51	201	370
13.4II x P51	163	332	13.4II x P51	202	371
13.4II x P51	164	333	13.4II x P51	203	372
13.4II x P51	165	334	13.4II x P51	204	373
13.4II x P51	166	335	13.4II x P51	205	374
13.4II x P51	167	336	13.4II x P51	206	375
13.4II x P51	168	337	13.4II x P51	207	376
13.4II x P51	169	338	13.4II x P51	208	377
13.4II x P51	170	339	13.4II x P51	209	378
13.4II x P51	171	340	13.4II x P51	210	379
13.4II x P51	172	341	13.4II x P51	211	380
13.4II x P51	173	342	13.4II x P51	212	381
13.4II x P51	174	343	13.4II x P51	213	382
13.4II x P51	175	344	13.4II x P51	214	383
13.4II x P51	176	345	13.4II x P51	215	384
13.4II x P51	177	346	13.4II x P51	216	385
13.4II x P51	178	347	13.4II x P51	217	386
13.4II x P51	179	348	13.4II x P51	218	387
13.4II x P51	180	349	13.4II x P51	219	388



Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
13.4II x P51	220	389	13.4II x P51	259	428
13.4II x P51	221	390	13.4II x P51	260	429
13.4II x P51	222	391	13.4II x P51	261	430
13.4II x P51	223	392	13.4II x P51	262	431
13.4II x P51	224	393	13.4II x P51	263	432
13.4II x P51	225	394	13.4II x P51	264	433
13.4II x P51	226	395	13.4II x P51	265	434
13.4II x P51	227	396	13.4II x P51	266	435
13.4II x P51	228	397	13.4II x P51	267	436
13.4II x P51	229	398	13.4II x P51	268	437
13.4II x P51	230	399	13.4II x P51	269	438
13.4II x P51	231	400	13.4II x P51	270	439
13.4II x P51	232	401	13.4II x P51	271	440
13.4II x P51	233	402	13.4II x P51	272	441
13.4II x P51	234	403	13.4II x P51	273	442
13.4II x P51	235	404	13.4II x P51	274	443
13.4II x P51	236	405	13.4II x P51	275	444
13.4II x P51	237	406	13.4II x P51	276	445
13.4II x P51	238	407	13.4II x P51	277	446
13.4II x P51	239	408	13.4II x P51	278	447
13.4II x P51	240	409	13.4II x P51	279	448
13.4II x P51	241	410	13.4II x P51	280	449
13.4II x P51	242	411	13.4II x P51	281	450
13.4II x P51	243	412	13.4II x P51	282	451
13.4II x P51	244	413	13.4II x P51	283	452
13.4II x P51	245	414	13.4II x P51	284	453
13.4II x P51	246	415	13.4II x P51	285	454
13.4II x P51	247	416	13.4II x P51	286	455
13.4II x P51	248	417	13.4II x P51	287	456
13.4II x P51	249	418	CV1 x CV11	1	457
13.4II x P51	250	419	CV1 x CV11	2	458
13.4II x P51	251	420	CV1 x CV11	3	459
13.4II x P51	252	421	CV1 x CV11	4	460
13.4II x P51	253	422	CV1 x CV11	5	461
13.4II x P51	254	423	CV1 x CV11	6	462
13.4II x P51	255	424	CV1 x CV11	7	463
13.4II x P51	256	425	CV1 x CV11	8	464
13.4II x P51	257	426	CV1 x CV11	9	465
13.4II x P51	258	427	CV1 x CV11	10	466

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV1 x CV11	11	467	CV1 x CV11	50	506
CV1 x CV11	12	468	CV1 x CV11	51	507
CV1 x CV11	13	469	CV1 x CV11	52	508
CV1 x CV11	14	470	CV1 x CV11	53	509
CV1 x CV11	15	471	CV1 x CV11	54	510
CV1 x CV11	16	472	CV1 x CV11	55	511
CV1 x CV11	17	473	CV1 x CV11	56	512
CV1 x CV11	18	474	CV1 x CV11	57	513
CV1 x CV11	19	475	CV1 x CV11	58	514
CV1 x CV11	20	476	CV1 x CV11	59	515
CV1 x CV11	21	477	CV1 x CV11	60	516
CV1 x CV11	22	478	CV1 x CV11	61	517
CV1 x CV11	23	479	CV1 x CV11	62	518
CV1 x CV11	24	480	CV1 x CV11	63	519
CV1 x CV11	25	481	CV1 x CV11	64	520
CV1 x CV11	26	482	CV1 x CV11	65	521
CV1 x CV11	27	483	CV1 x CV11	66	522
CV1 x CV11	28	484	CV1 x CV11	67	523
CV1 x CV11	29	485	CV1 x CV11	68	524
CV1 x CV11	30	486	CV1 x CV11	69	525
CV1 x CV11	31	487	CV1 x CV11	70	526
CV1 x CV11	32	488	CV1 x CV11	71	527
CV1 x CV11	33	489	CV1 x CV11	72	528
CV1 x CV11	34	490	CV1 x CV11	73	529
CV1 x CV11	35	491	CV1 x CV11	74	530
CV1 x CV11	36	492	CV1 x CV11	75	531
CV1 x CV11	37	493	CV1 x CV11	76	532
CV1 x CV11	38	494	CV1 x CV11	77	533
CV1 x CV11	39	495	CV1 x CV11	78	534
CV1 x CV11	40	496	CV1 x CV11	79	535
CV1 x CV11	41	497	CV1 x CV11	80	536
CV1 x CV11	42	498	CV1 x CV11	81	537
CV1 x CV11	43	499	CV1 x CV11	82	538
CV1 x CV11	44	500	CV1 x CV11	83	539
CV1 x CV11	45	501	CV1 x CV11	84	540
CV1 x CV11	46	502	CV1 x CV11	85	541
CV1 x CV11	47	503	CV1 x CV11	86	542
CV1 x CV11	48	504	CV1 x CV11	87	543
CV1 x CV11	49	505	CV1 x CV11	88	544

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV1 x CV11	89	545	CV1 x CV11	128	584
CV1 x CV11	90	546	CV1 x CV11	129	585
CV1 x CV11	91	547	CV1 x CV11	130	586
CV1 x CV11	92	548	CV1 x CV11	131	587
CV1 x CV11	93	549	CV1 x CV11	132	588
CV1 x CV11	94	550	CV1 x CV11	133	589
CV1 x CV11	95	551	CV1 x CV11	134	590
CV1 x CV11	96	552	CV1 x CV11	135	591
CV1 x CV11	97	553	CV1 x CV11	136	592
CV1 x CV11	98	554	CV1 x CV11	137	593
CV1 x CV11	99	555	CV1 x CV11	138	594
CV1 x CV11	100	556	CV1 x CV11	139	595
CV1 x CV11	101	557	CV1 x CV11	140	596
CV1 x CV11	102	558	CV1 x CV11	141	597
CV1 x CV11	103	559	CV1 x CV11	142	598
CV1 x CV11	104	560	CV1 x CV11	143	599
CV1 x CV11	105	561	CV1 x CV11	144	600
CV1 x CV11	106	562	CV1 x CV11	145	601
CV1 x CV11	107	563	CV1 x CV11	146	602
CV1 x CV11	108	564	CV1 x CV11	147	603
CV1 x CV11	109	565	CV1 x CV11	148	604
CV1 x CV11	110	566	CV1 x CV11	149	605
CV1 x CV11	111	567	CV1 x CV11	150	606
CV1 x CV11	112	568	CV1 x CV11	151	607
CV1 x CV11	113	569	CV1 x CV11	152	608
CV1 x CV11	114	570	CV1 x CV11	153	609
CV1 x CV11	115	571	CV1 x CV11	154	610
CV1 x CV11	116	572	CV1 x CV11	155	611
CV1 x CV11	117	573	CV1 x CV11	156	612
CV1 x CV11	118	574	CV1 x CV11	157	613
CV1 x CV11	119	575	CV1 x CV11	158	614
CV1 x CV11	120	576	CV1 x CV11	159	615
CV1 x CV11	121	577	CV1 x CV11	160	616
CV1 x CV11	122	578	CV1 x CV11	161	617
CV1 x CV11	123	579	CV1 x CV11	162	618
CV1 x CV11	124	580	CV1 x CV11	163	619
CV1 x CV11	125	581	CV1 x CV11	164	620
CV1 x CV11	126	582	CV1 x CV11	165	621
CV1 x CV11	127	583	CV1 x CV11	166	622

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV1 x CV11	167	623	CV11 x UENF-20181	30	662
CV1 x CV11	168	624	CV11 x UENF-20181	31	663
CV1 x CV11	169	625	CV11 x UENF-20181	32	664
CV1 x CV11	170	626	CV11 x UENF-20181	33	665
CV1 x CV11	171	627	CV11 x UENF-20181	34	666
CV1 x CV11	172	628	CV11 x UENF-20181	35	667
CV1 x CV11	173	629	CV11 x UENF-20181	36	668
CV1 x CV11	174	630	CV11 x UENF-20181	37	669
CV1 x CV11	175	631	CV11 x UENF-20181	38	670
CV1 x CV11	176	632	CV11 x UENF-20181	39	671
CV11 x UENF-20181	1	633	CV11 x UENF-20181	40	672
CV11 x UENF-20181	2	634	CV11 x UENF-20181	41	673
CV11 x UENF-20181	3	635	CV11 x UENF-20181	42	674
CV11 x UENF-20181	4	636	CV11 x UENF-20181	43	675
CV11 x UENF-20181	5	637	CV11 x UENF-20181	44	676
CV11 x UENF-20181	6	638	CV11 x UENF-20181	45	677
CV11 x UENF-20181	7	639	CV11 x UENF-20181	46	678
CV11 x UENF-20181	8	640	CV11 x UENF-20181	47	679
CV11 x UENF-20181	9	641	CV11 x UENF-20181	48	680
CV11 x UENF-20181	10	642	CV11 x UENF-20181	49	681
CV11 x UENF-20181	11	643	CV11 x UENF-20181	50	682
CV11 x UENF-20181	12	644	CV11 x UENF-20181	51	683
CV11 x UENF-20181	13	645	CV11 x UENF-20181	52	684
CV11 x UENF-20181	14	646	CV11 x UENF-20181	53	685
CV11 x UENF-20181	15	647	CV11 x UENF-20181	54	686
CV11 x UENF-20181	16	648	CV11 x UENF-20181	55	687
CV11 x UENF-20181	17	649	CV11 x UENF-20181	56	688
CV11 x UENF-20181	18	650	CV11 x UENF-20181	57	689
CV11 x UENF-20181	19	651	CV11 x UENF-20181	58	690
CV11 x UENF-20181	20	652	CV11 x UENF-20181	59	691
CV11 x UENF-20181	21	653	CV11 x UENF-20181	60	692
CV11 x UENF-20181	22	654	CV11 x UENF-20181	61	693
CV11 x UENF-20181	23	655	CV11 x UENF-20181	62	694
CV11 x UENF-20181	24	656	CV11 x UENF-20181	63	695
CV11 x UENF-20181	25	657	CV11 x UENF-20181	64	696
CV11 x UENF-20181	26	658	CV11 x UENF-20181	65	697
CV11 x UENF-20181	27	659	CV11 x UENF-20181	66	698
CV11 x UENF-20181	28	660	CV11 x UENF-20181	67	699
CV11 x UENF-20181	29	661	CV11 x UENF-20181	68	700

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV11 x UENF-20181	69	701	CV11 x UENF-20181	108	740
CV11 x UENF-20181	70	702	CV11 x UENF-20181	109	741
CV11 x UENF-20181	71	703	CV11 x UENF-20181	110	742
CV11 x UENF-20181	72	704	CV11 x UENF-20181	111	743
CV11 x UENF-20181	73	705	CV11 x UENF-20181	112	744
CV11 x UENF-20181	74	706	CV11 x UENF-20181	113	745
CV11 x UENF-20181	75	707	CV11 x UENF-20181	114	746
CV11 x UENF-20181	76	708	CV11 x UENF-20181	115	747
CV11 x UENF-20181	77	709	CV11 x UENF-20181	116	748
CV11 x UENF-20181	78	710	CV11 x UENF-20181	117	749
CV11 x UENF-20181	79	711	CV11 x UENF-20181	118	750
CV11 x UENF-20181	80	712	CV11 x UENF-20181	119	751
CV11 x UENF-20181	81	713	CV11 x UENF-20181	120	752
CV11 x UENF-20181	82	714	CV11 x UENF-20181	121	753
CV11 x UENF-20181	83	715	CV11 x UENF-20181	122	754
CV11 x UENF-20181	84	716	CV11 x UENF-20181	123	755
CV11 x UENF-20181	85	717	CV11 x UENF-20181	124	756
CV11 x UENF-20181	86	718	CV11 x UENF-20181	125	757
CV11 x UENF-20181	87	719	CV11 x UENF-20181	126	758
CV11 x UENF-20181	88	720	CV11 x UENF-20181	127	759
CV11 x UENF-20181	89	721	CV11 x UENF-20181	128	760
CV11 x UENF-20181	90	722	CV11 x UENF-20181	129	761
CV11 x UENF-20181	91	723	CV11 x UENF-20181	130	762
CV11 x UENF-20181	92	724	CV11 x UENF-20181	131	763
CV11 x UENF-20181	93	725	CV11 x UENF-20181	132	764
CV11 x UENF-20181	94	726	CV11 x UENF-20181	133	765
CV11 x UENF-20181	95	727	CV11 x UENF-20181	134	766
CV11 x UENF-20181	96	728	CV11 x UENF-20181	135	767
CV11 x UENF-20181	97	729	CV11 x UENF-20181	136	768
CV11 x UENF-20181	98	730	CV11 x UENF-20181	137	769
CV11 x UENF-20181	99	731	CV11 x UENF-20181	138	770
CV11 x UENF-20181	100	732	CV11 x UENF-20181	139	771
CV11 x UENF-20181	101	733	CV11 x UENF-20181	140	772
CV11 x UENF-20181	102	734	CV11 x UENF-20181	141	773
CV11 x UENF-20181	103	735	CV11 x UENF-20181	142	774
CV11 x UENF-20181	104	736	CV11 x UENF-20181	143	775
CV11 x UENF-20181	105	737	CV11 x UENF-20181	144	776
CV11 x UENF-20181	106	738	CV11 x UENF-20181	145	777
CV11 x UENF-20181	107	739	CV11 x UENF-20181	146	778

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV11 x UENF-20181	147	779	CV11 x UENF-20181	186	818
CV11 x UENF-20181	148	780	CV11 x UENF-20181	187	819
CV11 x UENF-20181	149	781	CV11 x UENF-20181	188	820
CV11 x UENF-20181	150	782	CV11 x UENF-20181	189	821
CV11 x UENF-20181	151	783	CV11 x UENF-20181	190	822
CV11 x UENF-20181	152	784	CV11 x UENF-20181	191	823
CV11 x UENF-20181	153	785	CV11 x UENF-20181	192	824
CV11 x UENF-20181	154	786	CV11 x UENF-20181	193	825
CV11 x UENF-20181	155	787	CV11 x UENF-20181	194	826
CV11 x UENF-20181	156	788	CV11 x UENF-20181	195	827
CV11 x UENF-20181	157	789	CV11 x UENF-20181	196	828
CV11 x UENF-20181	158	790	CV11 x UENF-20181	197	829
CV11 x UENF-20181	159	791	CV11 x UENF-20181	198	830
CV11 x UENF-20181	160	792	CV11 x UENF-20181	199	831
CV11 x UENF-20181	161	793	CV11 x UENF-20181	200	832
CV11 x UENF-20181	162	794	CV11 x UENF-20181	201	833
CV11 x UENF-20181	163	795	CV11 x UENF-20181	202	834
CV11 x UENF-20181	164	796	CV11 x UENF-20181	203	835
CV11 x UENF-20181	165	797	CV11 x UENF-20181	204	836
CV11 x UENF-20181	166	798	CV11 x UENF-20181	205	837
CV11 x UENF-20181	167	799	CV11 x UENF-20181	206	838
CV11 x UENF-20181	168	800	CV11 x UENF-20181	207	839
CV11 x UENF-20181	169	801	CV11 x UENF-20181	208	840
CV11 x UENF-20181	170	802	CV11 x UENF-20181	209	841
CV11 x UENF-20181	171	803	CV11 x UENF-20181	210	842
CV11 x UENF-20181	172	804	CV11 x UENF-20181	211	843
CV11 x UENF-20181	173	805	CV11 x UENF-20181	212	844
CV11 x UENF-20181	174	806	CV11 x UENF-20181	213	845
CV11 x UENF-20181	175	807	CV11 x UENF-20181	214	846
CV11 x UENF-20181	176	808	CV11 x UENF-20181	215	847
CV11 x UENF-20181	177	809	CV11 x UENF-20181	216	848
CV11 x UENF-20181	178	810	CV11 x UENF-20181	217	849
CV11 x UENF-20181	179	811	CV11 x UENF-20181	218	850
CV11 x UENF-20181	180	812	CV11 x UENF-20181	219	851
CV11 x UENF-20181	181	813	CV11 x UENF-20181	220	852
CV11 x UENF-20181	182	814	CV11 x UENF-20181	221	853
CV11 x UENF-20181	183	815	CV11 x UENF-20181	222	854
CV11 x UENF-20181	184	816	CV11 x UENF-20181	223	855
CV11 x UENF-20181	185	817	CV11 x UENF-20181	224	856

Tabela 12A. Cont.

<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Planta</b>	<b>Genótipo</b>
CV11 x UENF-20181	225	857	CV11 x UENF-20181	240	872
CV11 x UENF-20181	226	858	CV11 x UENF-20181	241	873
CV11 x UENF-20181	227	859	CV11 x UENF-20181	242	874
CV11 x UENF-20181	228	860	CV11 x UENF-20181	243	875
CV11 x UENF-20181	229	861	CV11 x UENF-20181	244	876
CV11 x UENF-20181	230	862	CV11 x UENF-20181	245	877
CV11 x UENF-20181	231	863	CV11 x UENF-20181	246	878
CV11 x UENF-20181	232	864	CV11 x UENF-20181	247	879
CV11 x UENF-20181	233	865	CV11 x UENF-20181	248	880
CV11 x UENF-20181	234	866	CV11 x UENF-20181	249	881
CV11 x UENF-20181	235	867	CV11 x UENF-20181	250	882
CV11 x UENF-20181	236	868	CV11 x UENF-20181	251	883
CV11 x UENF-20181	237	869	CV11 x UENF-20181	252	884
CV11 x UENF-20181	238	870	CV11 x UENF-20181	253	885
CV11 x UENF-20181	239	871			