

ESTIMATIVA DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE E IMPACTO
DA AUTOFECUNDAÇÃO EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE *Psidium*
guajava L.

JOAMESON ANTUNES LIMA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO-UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES-RJ
JUNHO-2024

ESTIMATIVA DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE E IMPACTO
DA AUTOFECUNDAÇÃO EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE *Psidium*
guajava L.

JOAMESON ANTUNES LIMA

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

Prof. Orientador: Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES-RJ
JUNHO-2024

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

L732

Lima, Joameson Antunes.

Estimativa do coeficiente de repetibilidade e impacto da autofecundação em famílias endogâmicas de *Psidium guajava* L. / Joameson Antunes Lima. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2024.

85 f.

Bibliografia: 61 - 73.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2024.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Goiaba. 2. famílias endogâmicas. 3. melhoramento da goiabeira. 4. depressão endogâmica. 5. homoziguidade. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
II. Título.

CDD - 631.5233

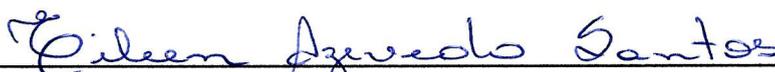
ESTIMATIVA DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE E IMPACTO
DA AUTOFECUNDAÇÃO EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE *Psidium*
guajava L.

JOAMESON ANTUNES LIMA

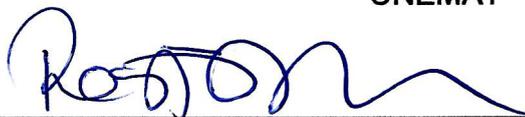
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Aprovada em 28 de junho de 2024.

Comissão examinadora:



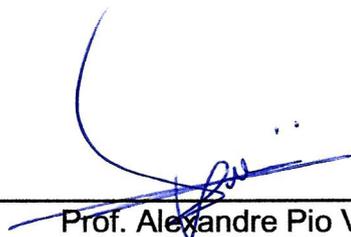
Prof.^a Eileen Azevedo Santos (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
UNEMAT



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



Dr.^a Flávia Alves da Silva (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



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

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Joao Lima e Sandra Antunes.

*Ao meu avô José Soares Antunes e à **minha tia** Silviane Antunes (in memorian)*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela força, coragem e determinação;

Aos meus pais, em especial à minha mãe Sandra Antunes que abriu mão de seus sonhos para que eu pudesse me tornar doutor;

Aos meus irmãos João e Joane pelo apoio e carinho ao longo dessa jornada;

À minha avó Lúcia Antunes por todo apoio e orações; e às minhas tias e primos, que mesmo longe, sempre torceram por mim;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, por tornar possível a realização de mais um sonho da minha carreira profissional e por contribuir eficientemente para o meu futuro;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro- FAPERJ pelas concessões de bolsas e apoio à pesquisa;

À Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas;

Ao meu orientador Prof. Alexandre Pio Viana pelos incentivos, ensinamentos, confiança, aconselhamentos e por estar sempre disponível;

À banca examinadora composta pelos professores Dra. Eileen Azevedo Santos, Dr. Rogério Figueiredo Daher e Dra. Flávia Alves.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de

Plantas, Sr. José Daniel Valle de Almeida pela disponibilidade e paciência e por me auxiliar em todas às demandas que precisei;

Ao Dr. Leandro Hespanhol e a toda equipe que compõe a Estação Experimental da UENF em Itaocara-RJ.

Ao Dr. Natan Cavalcante e a Dra. Flávia Alves por também me orientarem na pesquisa e por todo conhecimento compartilhado;

Ao Grupo de Pesquisa em Melhoramento de Frutíferas pela ajuda na execução do experimento, apoio e momentos de alegria;

As minhas amigas Rosi, Débora, Naty e Luana por toda amizade, companheirismo e pelas risadas compartilhadas;

Ao Raymyson Queiroz por todo apoio e incentivo. Você faz parte dessa vitória!

Aos amigos que fiz durante essa longa caminhada, pelo apoio e ajuda na execução dos experimentos.

A todos o meu muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1.INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	5
2.1 Objetivo geral.....	5
2.2 Objetivos específicos.....	5
3. CAPÍTULOS	6
3.1 IMPACTO DA AUTOFECUNDAÇÃO NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE <i>Psidium guajava</i> L	6
3.1.1 INTRODUÇÃO	6
3.1.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	9
3.1.2.1 Classificação botânica da espécie <i>Psidium guajava</i> L.....	9
3.1.2.2 Melhoramento genético da goiabeira	10
3.1.2.3 Estudo da diversidade genética no melhoramento de plantas.....	13
3.1.2.4 Impacto da endogamia nas plantas.....	15
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS	17
3.1.3.1 Área de estudo.....	17
3.1.3.2 Origem das populações S ₁ e S ₂	18
3.1.3.3 Delineamento experimental.....	20
3.1.3.4 Tratos culturais.....	20
3.1.3.5 Características avaliadas.....	21

3.1.3.6 Obtenção da análise de variância	23
3.1.3.7 Obtenção das estimativas de médias, coeficiente de correlação de Pearson e homozigidade.....	24
3.1.3.8 Análise da diversidade genética pela distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.....	24
3.1.3.9 Análise descritiva via Box plot.....	25
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
3.1.4.1 Análise descritiva das famílias endogâmicas S_1 e S_2 via box plot.....	26
3.1.4.2 Análise de variância	29
3.1.4.3 Estimativas dos valores preditos de médias, correlação (Pearson) e estimativas de homozigose (H_0)	29
3.1.4.4 Diversidade genética utilizando a distância de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.....	32
3.1.5 CONCLUSÕES.....	35
3.2 UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS NA ESTIMAÇÃO DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S_1 DE <i>PSIDIUM GUAJAVA</i> L.....	36
3.2.1 INTRODUÇÃO.....	36
3.2.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	38
3.2.2.1 Modelos mistos na seleção de espécies perenes.....	38
3.2.2.2 Modelos mistos na análise de medidas repetidas	41
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	44
3.2.3.1 Área de estudo.....	44
3.2.3.2 Origem das 18 famílias endogâmicas S_1	45
3.2.3.3 Delineamento experimental	45
3.2.3.4 Tratos culturais	46
3.2.3.5 Características avaliadas.....	46
3.2.3.6 Análise via modelos mistos	46
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
3.2.4.1 Avaliação genético-estatística via modelos mistos.....	48
3.2.4.2 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual)	54
3.2.5 CONCLUSÕES.....	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	61

RESUMO

ANTUNES LIMA, Joameson; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; junho de 2024; Estimativa do coeficiente de repetibilidade e impacto da autofecundação em famílias endogâmicas de *Psidium guajava* L. Orientador: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher e D.Sc. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Considerando o potencial econômico da goiabeira (*Psidium guajava* L.) e a limitação de cultivares adaptadas ao estado do Rio de Janeiro, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem conduzido um programa de melhoramento genético por quinze anos. Dentro deste programa, a linha de pesquisa com famílias endogâmicas foi introduzida há aproximadamente sete anos. Esta linha de pesquisa tem como objetivo o desenvolvimento de novas cultivares, visando a fixação de alelos favoráveis e a otimização das características da planta e do fruto. Neste contexto, os objetivos desta pesquisa foram: no Capítulo 1, avaliar o impacto da autofecundação na diversidade genética em famílias endogâmicas S₁ e S₂; e no Capítulo 2, estimar o coeficiente de repetibilidade para características relacionadas à produção em famílias endogâmicas S₁ de goiabeira, utilizando a metodologia de modelos mistos. Para a elaboração do primeiro capítulo, foram avaliadas 18 famílias S₁ obtidas por autofecundação de progênies de cruzamentos biparentais e 10 famílias S₂ obtidas por autofecundação dos genótipos superiores das famílias S₁. As famílias S₁ e S₂ foram implantadas em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições e 10 plantas por parcela.

As características avaliadas foram: massa do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, relação comprimento-diâmetro, espessura do endocarpo, espessura do mesocarpo, massa da polpa e teor de sólidos solúveis. A análise da diversidade genética foi conduzida utilizando a distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA. Nos resultados do capítulo 1, a avaliação da diversidade genética, por meio da metodologia de Mahalanobis, evidenciou uma redução na variabilidade genética manifestada pela diminuição do número de grupos nas populações S_2 em comparação com as S_1 . No entanto, essa redução não resultou em impacto observável no desempenho médio das populações S_2 . Para a elaboração do capítulo 2 foram avaliadas as 18 famílias endogâmicas S_1 em quatro safras, quanto ao peso dos frutos, número de frutos por planta e produção total de frutos. A estimação dos parâmetros genéticos e a predição dos ganhos, bem como as estimativas de repetibilidade, foram realizadas por meio do programa Selegem/REML-BLUP, modelo 171. Nos resultados do capítulo 2, em relação à repetibilidade, as características número de frutos por planta e produção total de frutos apresentaram repetibilidade moderada (0,44 e 0,40), enquanto o peso de frutos apresentou repetibilidade baixa (0,24). Neste sentido, inferem-se as características número de frutos e produção total de frutos como prioritárias na seleção, devido a sua repetibilidade moderada, o que implica menor necessidade de medições adicionais. Os indivíduos 185, 366 e 367 (família 1), 294 e 471 (família 12), e 349 e 350 (família 17) apresentaram médias superiores à média geral da população para todos os caracteres avaliados. Esses genótipos demonstram potencial para serem utilizados como genitores em gerações futuras, seja por autofecundação ou clonagem. Os resultados encontrados nesse trabalho, apoiam a continuidade do programa de melhoramento com famílias endogâmicas e a progressão para famílias S_3 . O estudo destaca a importância de investigar o impacto da endogamia e sugere que futuras pesquisas devem focar na otimização das estratégias de autofecundação para o avanço do desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chave: Goiaba; famílias endogâmicas; melhoramento da goiabeira; depressão endogâmica; homozigidade; diversidade genética.

ABSTRACT

ANTUNES LIMA, Joameson; D.Sc.; State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro; June 2024; Estimation of the Repeatability Coefficient and Impact of Self-Fertilization in Inbred Families of *Psidium guajava* L. Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Counselors: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher and D.Sc. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Considering the economic potential of guava (*Psidium guajava* L.) and the limitation of cultivars adapted to the state of Rio de Janeiro, the State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) has been conducting a genetic improvement program for fifteen years. Within this program, the research line involving inbreeding families was introduced approximately seven years ago. This research line aims to develop new cultivars by fixing favorable alleles and optimizing plant and fruit characteristics. In this context, the objectives of this research were: in Chapter 1, to evaluate the impact of self-fertilization on genetic diversity in inbreeding families S₁ and S₂; and in Chapter 2, to estimate the repeatability coefficient for production-related traits in S₁ inbreeding families of guava, using mixed models methodology. For Chapter 1, 18 S₁ families obtained by self-fertilization of progenies from biparental crosses and 10 S₂ families obtained by self-fertilization of the superior genotypes from S₁ families were evaluated. The S₁ and S₂ families were planted in a randomized block design with three replications and 10 plants per plot. The evaluated traits included fruit mass, fruit length, fruit diameter, length-diameter ratio, endocarp thickness, mesocarp thickness, pulp mass, and soluble solids content.

Genetic diversity analysis was conducted using Mahalanobis distance and UPGMA clustering method. The results of Chapter 1 showed that genetic diversity assessment using Mahalanobis methodology revealed a reduction in genetic variability, evidenced by a decrease in the number of groups in S_2 populations compared to S_1 . However, this reduction did not impact the average performance of the S_2 populations. For Chapter 2, the 18 S_1 inbreeding families were evaluated over four harvests for fruit weight, number of fruits per plant, and total fruit production. Genetic parameter estimation and prediction of gains, as well as repeatability estimates, were performed using the Selegem/REML-BLUP program, model 171. In Chapter 2, regarding repeatability, the traits number of fruits per plant and total fruit production showed moderate repeatability (0.44 and 0.40), while fruit weight exhibited low repeatability (0.24). Thus, the traits number of fruits and total fruit production are inferred as priorities in selection due to their moderate repeatability, which implies fewer additional measurements needed. The individuals 185, 366, and 367 (family 1), 294 and 471 (family 12), and 349 and 350 (family 17) had means higher than the overall population average for all evaluated traits. These genotypes show potential to be used as parents in future generations, either through self-fertilization or cloning. The results from this study support the continuation of the improvement program with inbreeding families and the progression to S_3 families. The study highlights the importance of investigating the impact of inbreeding and suggests that future research should focus on optimizing self-fertilization strategies to advance the development of new cultivars.

Keyword: Guava; inbred families; guava breeding; inbreeding depression; homozygosity; genetic diversity.

1. INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma espécie nativa da América tropical, encontrada em regiões de clima tropical e subtropical, distribuída por todo o território brasileiro (Oliveira et al., 2012). De acordo com o levantamento efetuado pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística- IBGE, no ano de 2022, o Brasil atingiu uma produção de aproximadamente 564,76 mil t de uma área plantada de 21,5 mil ha, com um rendimento médio de 24,95 mil t ha⁻¹, por ano, o que representa um retorno estimado de R\$ 1,11 milhões (IBGE, 2022). Das regiões produtoras destacam-se o estado do Pernambuco (196,3 t), seguido dos estados de São Paulo (188,29 t), Ceará (22,84 t), Minas Gerais (17,09 t) e Rio de Janeiro (16,65 t) (IBGE, 2022).

No entanto, apesar do crescimento na produção de goiaba no Brasil, o maior obstáculo enfrentado pelos produtores brasileiros é o baixo número de cultivares disponíveis e adaptadas para as regiões produtoras, sendo o total de 16 cultivares registradas no RNC (Registro Nacional de Cultivares), não havendo nenhuma cultivar de goiaba desenvolvida, testada e recomendada para o estado do Rio de Janeiro (Mapa, 2018).

Baseado na baixa disponibilidade de cultivares de goiabeira e a escassez de estudos relacionados à cultura, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro vem conduzindo um Programa de Melhoramento Genético da goiabeira-PMGG a cerca de doze anos. Já foram realizados neste PMGG estudos relacionados à análise de diversidade genética entre acessos para o

direcionamento de cruzamentos, comportamento meiótico/ viabilidade polínica, análises com marcadores moleculares e seleção em famílias endogâmicas S₁. Ao longo desse período, o PMGG obteve resultados positivos na seleção e condução de novos genótipos e atualmente, segue em andamento com avaliação de 10 famílias endogâmicas S₂, e com o estudo da repetibilidade em famílias S₁ as quais são objetivo de estudo deste trabalho, sendo a UENF pioneira na condução de experimentos com essa abordagem no Brasil. Deste modo, torna-se cada vez mais necessária a realização desta pesquisa, com possibilidade da fixação de alelos favoráveis em genótipos de interesse, e assim, disponibilizar aos produtores um material homogêneo e de qualidade para seus pomares.

Diante disso, a possibilidade de avaliar o desempenho de progênies em gerações iniciais de endogamia, é de grande valia para os programas de melhoramento, o que permite aos melhoristas concentrar esforços e recursos nas combinações com maior potencial de melhoramento (Ambrósio, 2020). Para tanto, uma elevada eficiência experimental, aliada ao uso de métodos de seleção apropriados, possibilita a seleção de indivíduos superiores nas gerações iniciais. A variabilidade genética disponível na população pode ser quantificada por meio de estudos de diversidade, com a finalidade de auxiliar a identificação de genótipos superiores e distantes geneticamente para compor as próximas gerações de melhoramento.

A estimativa da diversidade genética pode ser realizada por meio de marcadores genéticos, classificados em morfológicos e moleculares. Certas características que promovem diferenças entre os genótipos podem ser reproduzidas de maneira precisa nas progênies e utilizadas para correlacionar com outras características de interesse (Colombari-Filho, 2009). Esse tipo de avaliação permite, no caso de famílias endogâmicas, identificar e selecionar genótipos superiores que possuam características desejáveis, mesmo após sucessivas gerações de autofecundação.

O estudo da diversidade genética pode ser realizado por meio de técnicas multivariadas. Essas técnicas permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de variáveis, considerando a contribuição e a importância relativa dos caracteres para a variação total existente entre as populações (Nascimento et al., 2015; Mesquita et al., 2016).

Entre as técnicas multivariadas mais utilizadas, destacam-se a análise de dissimilaridade, obtida pela distância generalizada de Mahalanobis e a distância Euclidiana; a análise de componentes principais; variáveis canônicas; e métodos de agrupamento como Tocher, UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), vizinho mais próximo e vizinho mais distante (Cruz e Carneiro, 2006; Pessoa et al., 2017; Pessoa et al., 2018).

Nos programas de melhoramento genético de plantas, a distância de Mahalanobis tem sido utilizada com grande frequência no estudo da diversidade genética. Esta abordagem possui a vantagem de considerar a existência de correlações entre os caracteres analisados, embora necessite de ensaios experimentais com repetições. Com as estimativas de distância entre cada par de genótipos estudados, os dados são apresentados em uma matriz simétrica. A partir desta matriz, a visualização e interpretação das distâncias podem ser facilitadas pela utilização de métodos de agrupamento (Mulato et al., 2010), como o método de agrupamento UPGMA.

Por outro lado, um ponto importante, é a adoção de métodos de seleção precisos ainda mais em experimentos desbalanceados, situação comum na experimentação em fruteiras, onde a análise de variância conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância. À vista disso, é indispensável a utilização de métodos que estimem com precisão os componentes de variância e permitam a predição de valores genéticos individuais dos candidatos à seleção (Santos et al., 2015; Gomes et al., 2017).

Assim, lança-se mão das metodologias dos modelos mistos, as quais podem ser utilizadas como um procedimento ótimo para seleção e, por consequência, resultam em um processo de seleção mais acurado. Esta metodologia estima os componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* - REML) e prediz os valores genotípicos pela melhor predição linear não-viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP) (Resende, 2002; Viana e Resende, 2014).

As principais vantagens da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e na predição de valores genéticos são as seguintes: possibilita a comparação de indivíduos ou variedades ao longo do tempo (gerações, anos) e em diferentes espaços (locais, blocos); não requer dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite a correção simultânea

para os efeitos ambientais, a estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos; é capaz de lidar com estruturas complexas de dados, como medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos; e pode ser aplicada a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2007).

Considerando que a metodologia de modelos mistos é um procedimento ideal para seleção e que as técnicas de análise multivariada são essenciais para a identificação da diversidade genética, o presente estudo teve como objetivo estimar o coeficiente de repetibilidade para características associadas à produção em famílias S_1 de *Psidium guajava*, e avaliar o impacto da autofecundação na diversidade genética em famílias S_2 .

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Avaliar o impacto da autofecundação em famílias endogâmicas S_1 e S_2 de goiabeira utilizando análises multivariadas e modelos mistos.

2.2 Objetivos específicos

- I. Fenotipar as populações com base na produção e qualidade de fruto, por meio de descritores estabelecidos para a espécie fornecido pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2018);
- II. Estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos para produção e qualidade do fruto, utilizando o procedimento REML/BLUP;
- III. Estimar via procedimento REML/BLUP o coeficiente de repetibilidade de modo a inferir o número mínimo de avaliações necessárias para identificar genótipos superiores em famílias S_1 ;
- IV. Prever ganhos genéticos; e selecionar as melhores famílias e indivíduos em progênies S_1 de *P. guajava*;
- V. Verificar o impacto da autofecundação na diversidade genética em famílias endogâmicas S_2 via metodologia de Mahalanobis e método de agrupamento UPGMA.

3. CAPÍTULOS

3.1. IMPACTO DA AUTOFECUNDAÇÃO NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE *Psidium guajava* L.

3.1.1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a cultura da goiabeira (*Psidium guajava* L.) ocupa uma área total de produção de 22,60 mil ha, resultando em uma produção total de frutos de 564,8 mil toneladas (IBGE, 2022). Diversas cultivares disponíveis têm sido utilizadas pelos agricultores, entre as quais se destacam as variedades Pedro Sato, Cortibel, Kumagai, Paluma, Rica, Sassaoka e Século XXI (Santos et al., 2011). Entretanto, cerca de 70% da área plantada no Brasil é ocupada pela cultivar Paluma (Pereira e Kavati, 2011), o que evidencia a vulnerabilidade dessa cultura devido ao pouco aproveitamento da variabilidade genética presente na espécie.

Nesse contexto, torna-se necessário o desenvolvimento de novas cultivares, buscando atender de forma mais abrangente às condições específicas do mercado e dos produtores de forma a permitir a diversificação de cultivares de goiaba no campo com diferentes alelos, principalmente para diferentes tipos de frutos e resistência a pragas e doenças (Krause et al., 2017).

A goiabeira (*P. guajava*), apresenta um sistema reprodutivo misto, combinando alogamia e autogamia. Apesar da prevalência da autofecundação, que varia de 25,7% a 41,3%, com média de 36,6%, estudos indicam que a fecundação cruzada permanece consideravelmente elevada (Singh e Sehgal, 1968). A alta taxa de fecundação cruzada e o processo de propagação sexuada contribuem para a formação de pomares heterogêneos, resultando em desuniformidade entre os genótipos cultivados. Essa considerável variabilidade apresenta desafios significativos à produção de goiabas, comprometendo a implementação coerente de práticas culturais e desorganizando o sistema de comercialização, devido à ausência de padronização em características cruciais, como produtividade, crescimento da planta e qualidade dos frutos (Santos et al., 1998; Manica et al., 2000; Oliveira et al., 2009).

A autopolinização, que implica no aumento da homozigose e na diminuição da heterozigose nos descendentes, tem o potencial de desencadear a depressão por endogamia. Esse fenômeno resulta na redução do valor médio de características quantitativas associadas à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (Falconer e Mackay, 1996). No contexto da goiabeira (*P. guajava*), o impacto específico da autopolinização é pouco explorado, principalmente devido às dificuldades inerentes ao ciclo reprodutivo longo de espécies perenes. A falta de pesquisa nessa área desperta curiosidade, considerando a importância econômica da goiabeira e a complexidade de seu sistema reprodutivo misto.

Estudos científicos têm evidenciado que a depressão por endogamia se manifesta de maneira variada entre diferentes organismos. Um exemplo disso pode ser observado na cultura do milho (*Zea mays* L.), onde é possível observar que algumas autofecundações podem acarretar consequências desastrosas, inclusive levando à extinção da variedade (Paterniani, 1978). Em contraposição, investigações realizadas em espécies perenes, como o eucalipto (*Eucalyptus* spp.), indicam que a endogamia não exerce um impacto significativo na germinação, sobrevivência e crescimento das plantas resultantes de autofecundação (Estopa et al., 2007). No contexto da goiabeira (*P. guajava*), Maitan (2022) avaliou o efeito da endogamia na qualidade fisiológica de sementes produzidas por goiabeiras através de autofecundações por duas gerações, não identificando impactos negativos nas características e qualidade fisiológica das sementes produzidas. Entretanto, um

estudo mais abrangente foi conduzido por Ambrósio et al. (2022), que investigaram 18 famílias endogâmicas S_1 de goiabeira (*P. guajava*) com o objetivo de selecionar genótipos superiores para futuras gerações de autofecundações, baseando-se em descritores morfoagronômicos. Os resultados dessa pesquisa indicaram um ganho genético, evidenciando a habilidade de selecionar genótipos superiores para as próximas gerações de autofecundação.

No desenvolvimento de um programa de melhoramento, o melhorista precisa de variabilidade na população não só no início do programa, mas ao longo de seu curso, ele também precisará verificar se a população não está perdendo variabilidade que possa impedir futuros ganhos genéticos e conseqüentemente a continuidade do programa. Assim, a população estudada precisa ter variabilidade genética e características agrônômicas de interesse tanto do produtor quanto do consumidor. Essa combinação de diversidade genética e altos valores médios proporcionará ao programa de melhoramento cultivares produtivas (Krause et al., 2017).

O estudo da diversidade genética através da análise multivariada é importante para os programas de melhoramento genético, pois a variabilidade existente entre os genótipos é fundamental para se obter ganhos de seleção nos cruzamentos de grupos geneticamente divergentes que apresentam características de interesse (Cruz et al., 2011)

Dentre as diversas medidas propostas para avaliar a diversidade genética entre genótipos, destaca-se a distância generalizada de Mahalanobis, amplamente empregada em experimentos com repetições. Essa métrica é notável por considerar as correlações entre os caracteres avaliados (Cruz et al., 2012; Simon et al., 2012). Quando utilizada em conjunto com métodos de agrupamento, como o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), proporciona uma abordagem sistemática na interpretação da diversidade genética. No UPGMA, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma de alto conteúdo informativo (Cruz, 2005). Ambas as técnicas são extensivamente aplicadas no estudo da diversidade genética em fruteiras (Bohry et al., 2019; Torres et al., 2019; Mendes et al., 2019; Radaeli et al., 2020; Dos Santos et al., 2022).

Neste sentido, este estudo representa uma significativa contribuição ao campo do melhoramento genético da goiabeira, abordando lacunas existentes na

literatura científica. Ao investigar a obtenção de linhagens na cultura da goiabeira e os possíveis efeitos da endogamia, esta pesquisa preenche uma carência notável em termos de estudos específicos sobre esses aspectos. Além disso, aprofundar a compreensão das particularidades do sistema reprodutivo da goiabeira contribui para o desenvolvimento de estratégias eficazes de melhoramento genético.

Portanto, este estudo, tem como objetivo principal estimar os efeitos da autofecundação em relação às características dos frutos de famílias endogâmicas S₁ e S₂ de goiabeira (*P. guajava*), além de investigar os possíveis impactos sobre a diversidade genética dessa cultura.

3.1.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1.2.1 Classificação botânica da espécie *Psidium guajava* L.

A família Myrtaceae inclui cerca de 132 gêneros e 3000 mil espécies entre árvores e arbustos distribuídas em regiões tropicais e subtropicais (Sobral et al., 2015). Dentro desta família encontra-se o gênero *Psidium* ($2n = 2x = 22$), que compreende cerca de 100 espécies das quais destacam-se: *P. guajava* L., *P. cattleyanum* Sabine, *P. guineense* Swartz ou *P. araca* Raddali, sendo a espécie *Psidium guajava* L. a que apresenta maior potencial para a exploração econômica, pois as demais têm maior importância para a criação de bancos de germoplasma e disponibilização de material genético para programas de melhoramento (Pommer et al., 2012).

Botanicamente a goiabeira é classificada como um arbusto de porte pequeno, com altura entre três e seis metros (Koller, 1979). As folhas nas goiabeiras apresentam coloração verde-amarelada, ligeiramente lustrosa na face superior e pubescentes na inferior, a forma e o tamanho das folhas são bastante variáveis e servem para a diferenciação das variedades, exibindo comprimento variável de 5 a 15 cm e 3 a 7 cm de largura. As nervuras são deprimidas na face superior da folha e salientes na face inferior (Piza Junior e Kavati, 1994).

Suas flores são brancas e hermafroditas, possuem em média 350 estames, as flores aparecem isoladas ou em grupo de duas ou três, sempre nas axilas das

folhas (Gonzaga Neto, 2007). O cálice é formado por quatro a cinco sépalas brancas na face superior e verdes inferior com pontuações translúcidas e concrecentes desde a prefloração. A corola é constituída por quatro a cinco pétalas alvas com pontuações translúcidas ligeiramente pubescentes, imbricadas com a base larga, dialipétalas, galeatiformes e caducas. O androceu possui cerca de 350 estames e o gineceu por um ovário ínfero, trí ou tetralocular, e apresenta numerosos óvulos (Soubihe Sobrinho, 1951).

Os frutos são do tipo bagas, apresentando formato predominante ovulado, piriforme e arredondado, com diâmetro médio de 5 a 7 cm e peso médio de 80 gramas. (Fernandes, 2007). Quando maduro, os frutos apresentam colocação da casca variando entre verde (“de vez”) a amarelo (maduro) (Pereira, 1995).

Em relação ao sistema reprodutivo, a goiabeira apresenta-se como uma planta com sistema de reprodução misto (autógama-alógama) (Medina, 1988). Embora a taxa de autofecundação seja maior, a taxa de fecundação cruzada ainda é considerada alta (25,7 a 41,3%) considerando-se 33,5% como índice médio (Soubihe Sobrinho e Gurgel, 1962). De acordo com Alves e Freitas (2007), a goiabeira beneficia-se mais da polinização cruzada, podendo incrementar a produção em até 39,5% em relação a autopolinização, provavelmente devido a ocorrência de sua auto-incompatibilidade parcial.

3.1.2.2 Melhoramento genético da goiabeira

No Brasil, diversas instituições desenvolveram trabalhos relacionados à seleção de plantas de goiabeira (Instituto Agrônomo de Campinas, ESALQ, EMBRAPA e outros), no entanto as principais cultivares, surgiram de trabalhos desenvolvidos por produtores, que, pela seleção realizada em seus pomares, obtiveram plantas, cujos frutos apresentavam qualidades adequadas à comercialização. Essa seleção realizada pelos produtores propiciou o surgimento de cultivares importantes como a Kumagai, Ogawa, Pedro Sato e Sassaoka.

Apesar de existir uma grande variabilidade genética nas populações nativa de goiabeiras no Brasil, a introdução de material genético exógeno culminou com a obtenção das cultivares Rica e Paluma (Pereira e Nachtigal, 2002; Gomes Filho, et al., 2009). Estas cultivares são altamente produtivas, com produção maior que

50 t.ha⁻¹, de crescimento horizontal potente e com boa tolerância à ferrugem (*Puccinia psidii*) (Oliveira et al., 2012).

Visando o desenvolvimento de novas cultivares de goiabeira Pereira et al. (2003) desenvolveram a cultivar Século XXI, cujas principais características são: planta muito produtiva com ciclo precoce (130 dias da floração à colheita), frutos grandes, com polpa espessa, róseo-avermelhada, ótimo sabor e com poucas e pequenas sementes. Os autores observaram que a cultivar Século XXI, possui boas características de sua planta e de seus frutos, e apresenta possibilidades de cultivo comercial como goiabeira de dupla finalidade.

Com o propósito de desenvolver uma cultivar de goiabeira produtiva para a região norte e noroeste fluminense, há cerca de 15 anos vem sendo desenvolvido um Programa de Melhoramento Genético da Goiabeira (PMGG) pela UENF, coordenado pelo professor Alexandre Pio Viana.

O PMGG-UENF teve início em 2008, com os trabalhos de Pessanha et al. (2011), focados em pré-melhoramento, citogenética e diversidade genética de 20 acessos de *Psidium* ssp., coletados nas cidades de São João da Barra e São Francisco do Itabapoana, no estado do Rio de Janeiro. Pessanha et al. (2011) utilizaram 28 marcadores RAPD para estudar a divergência genética desses acessos e direcionar cruzamentos, resultando na seleção de sete genitores mais contrastantes.

Dando continuidade ao PMGG, Paiva et al. (2016) compararam diferentes métodos de seleção entre e dentro de progênies, utilizando a seleção direta e indireta, o índice de seleção e os modelos mistos, a fim de estimar os parâmetros genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Os melhores genótipos foram ranqueados pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP), além de quantificar a repetibilidade das variáveis analisadas.

Em sequência, Quintal et al. (2017) utilizaram os mesmos genitores de Pessanha et al. (2011) para obter 17 famílias por cruzamentos controlados, com o intuito de selecionar progênies segregantes de goiabeiras via modelos mistos baseados em estimadores REML/BLUP.

Devido ao sistema reprodutivo misto da goiabeira (autógama/alógama), foram obtidas duas novas populações de melhoramento, ambas originadas da população obtida por Pessanha et al. (2011).

A primeira população foi estabelecida por Sousa et al. (2020), que avaliaram famílias de irmãos-completos e estimaram parâmetros genéticos pelo procedimento dos modelos mistos. Além disso, a divergência genética foi estimada com base na distância euclidiana média entre os indivíduos selecionados via BLUP. A média da maioria dos genótipos selecionados superou a média dos pais, confirmando a eficácia da estratégia de obtenção de famílias de irmãos-completos em gerar ganhos no processo de melhoramento da goiabeira. Esta população está sendo estudada e caracterizada geneticamente e em termos de diversidade via marcadores microssatélites, além de análises agronômicas, nutricionais e pós-colheita dos frutos. Também está sendo realizada a refenotipagem das progênes de IC por três safras e a implementação da seleção genômica (GS).

A segunda população foi estabelecida com a abordagem de famílias endogâmicas. Para isso, foram originadas 18 famílias S_1 por autofecundações de indivíduos superiores resultantes de cruzamentos controlados bi-parentais realizados por Quintal et al. (2017). Essas famílias foram avaliadas e selecionadas via modelos mistos baseados em estimadores REML/BLUP por Ambrósio et al. (2021). Os resultados deste estudo demonstraram um ganho genético, evidenciando a capacidade de selecionar genótipos superiores para as próximas gerações de autofecundação.

Em prosseguimento ao estudo com famílias endogâmicas, Ambrósio et al. (2021) avaliaram e selecionaram os genótipos mais produtivos das 18 famílias S_1 , e por autofecundação obtiveram 10 famílias S_2 . Estas foram plantadas em janeiro de 2020 e estão sendo conduzidas desde então com todos os tratamentos culturais recomendados para a cultura, como adubações e podas, para posterior avaliação deste material.

Para o melhor entendimento, abaixo encontra-se o fluxograma do histórico do Programa de Melhoramento Genético da Goiabeira da UENF com famílias endogâmicas (Figura 1).

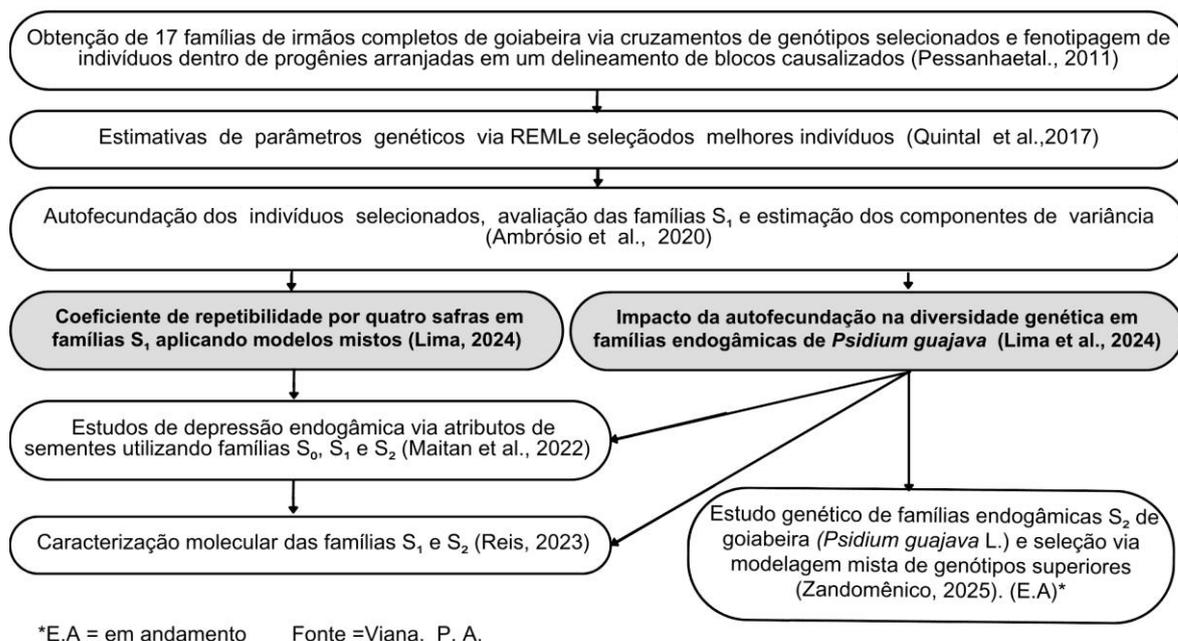


Figura 1. Histórico do Programa de Melhoramento Genético da Goiabeira com famílias endogâmicas (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, 2024).

3.1.2.3 Estudo da diversidade genética no melhoramento de plantas

A diversidade genética pode ser considerada como a distância entre populações, indivíduos ou organismos, baseada em uma série de características morfológicas, fisiológicas, citológicas, proteicas, bioquímicas e moleculares (Amaral Junior et al., 2010). No melhoramento genético de plantas, o estudo da diversidade genética permite descrever e diferenciar acessos, possibilitando identificar genótipos contrastantes para realizar cruzamentos promissores e encontrar fontes de resistência a doenças (Govindaraj et al., 2015).

A estimativa da diversidade genética pode ser realizada por meio de marcadores genéticos, classificados em morfológicos e moleculares (Colombari-Filho, 2009). Certas características que promovem diferenças entre os genótipos podem ser reproduzidas de maneira precisa nas progêneses e utilizadas para correlacionar com outras características de interesse. Esse tipo de avaliação permite, no caso de famílias endogâmicas, identificar e selecionar genótipos superiores que possuam características desejáveis, mesmo após sucessivas gerações de autofecundação.

No contexto de um programa de melhoramento genético, o estudo da diversidade genética pode ser realizado por meio de técnicas multivariadas. Essas técnicas permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de variáveis, considerando a contribuição e a importância relativa dos caracteres para a variação total existente entre as populações (Nascimento et al., 2015; Mesquita et al., 2016).

Entre as técnicas multivariadas mais utilizadas, destacam-se a análise de dissimilaridade, obtida pela distância generalizada de Mahalanobis e a distância Euclidiana; a análise de componentes principais; variáveis canônicas; e métodos de agrupamento como Tocher, UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), vizinho mais próximo e vizinho mais distante (Cruz e Carneiro, 2006; Pessoa et al., 2017; Pessoa et al., 2018).

Nos programas de melhoramento genético de plantas, a distância Euclidiana e a distância de Mahalanobis tem sido utilizada com grande frequência no estudo da diversidade genética. Esta última oferece vantagem sobre a primeira por considerar a existência de correlações entre os caracteres analisados, embora necessite de ensaios experimentais com repetições. Com as estimativas de distância entre cada par de genótipos estudados, os dados são apresentados em uma matriz simétrica. A partir desta matriz, a visualização e interpretação das distâncias podem ser facilitadas pela utilização de métodos de agrupamento e/ou dispersão gráfica (Mulato et al., 2010).

Os métodos de agrupamento dependem da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Cruz, 2005), como a distância generalizada de Mahalanobis. Esses métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Bertan et al., 2006).

Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala no melhoramento de plantas. Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Para este caso, Cruz e Regazzi (2001) apresentam três formas distintas de

representar a estrutura de agrupamento com base na distância entre os pares de genótipos: i) utilizando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, denominado método da distância média (UPGMA); ii) utilizando a menor distância existente entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais próximo ou da ligação simples e iii) utilizando a maior distância encontrada entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais distante ou ligação completa. Cabe ao pesquisador adotar àquela que melhor represente a estrutura de agrupamento esperada com base no seu conjunto de dados. Os métodos de otimização, por sua vez, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, diferindo dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (Cruz e Regazzi, 2001).

De forma geral, os dendrogramas obtidos com métodos hierárquicos apresentam estruturas de agrupamentos homogêneos. No entanto, não existe um critério objetivo para determinar um ponto de corte no dendrograma, ou seja, para definir quais grupos foram formados. O número de grupos pode ser determinado por razões práticas do pesquisador, análise visual das ramificações do dendrograma, ou critérios estatísticos como desvio padrão médio e coeficiente de determinação, propostos por Khattree e Naik (2000), e o método de Mojena (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma.

Os estudos de diversidade genética com base em caracteres agrônômicos desempenham um papel crucial na caracterização e compreensão da variabilidade genética de uma população. Em espécies perenes, essas abordagens foram aplicadas em pesquisas como as de Santos et al. (2011), Bohry et al. (2019), Torres et al. (2019), Mendes et al. (2019), Radaeli et al. (2020), Ambrósio et al. (2022) e Dos Santos et al. (2022).

3.1.2.4 Impacto da endogamia nas plantas

Conceitualmente, a endogamia pode ser definida como um método de acasalamento que aumenta a homozigose na descendência, resultante de cruzamentos entre indivíduos aparentados (Borém et al., 2021). No melhoramento

de plantas, a endogamia é considerada uma alternativa para a obtenção de frutos homogêneos em pomares comerciais (Falconer e Mackay, 1996).

Entre as consequências da endogamia, pode-se observar: i) o aumento progressivo da homozigose em razão das sucessivas gerações de acasalamento endogâmico, resultando na redução da variabilidade genética; ii) o surgimento de características indesejáveis ou anormalidades em espécies alógamas, e a iii) a depressão por endogamia, fenômeno que pode afetar negativamente diversas variáveis da planta, desde a taxa de germinação das sementes até a produção de frutos (Charlesworth, W. R e Charlesworth, D. 1987; Borém et al., 2021).

Os impactos deletérios da depressão por endogamia são mais evidentes em condições de campo do que em ambientes experimentais, e os níveis de depressão por endogamia aumentam com subseqüentes autofecundações, uma prática comum em programas de melhoramento genético (Frankham et al., 2002).

A diversidade de respostas à endogamia entre as diferentes culturas anuais e perenes destaca a complexidade desse fenômeno. Por exemplo, na cultura do milho (*Zea mays* L.), observa-se que algumas autofecundações podem levar a consequências desastrosas, inclusive levando à extinção da variedade (Paterniani, 1978). Por outro lado, com espécies perenes, como o eucalipto (*Eucalyptus* spp.), indicam que a endogamia não exerce um impacto significativo na germinação, sobrevivência e crescimento das plantas resultantes de autofecundação (Estopa et al., 2007).

Em relação ao cajueiro (*Anacardium occidentale*) espécie frutífera, Paiva et al. (1998) estimaram a taxa de depressão por endogamia nas características vegetativas e de produção em progênies de clones de cajueiro anão precoce, originadas de autofecundações, polinizações livres e controladas. Essas progênies foram avaliadas aos 12, 18 e 24 meses de idade no campo, evidenciando-se efeitos endogâmicos que se expressam já na fase de germinação das sementes até a fase adulta do cajueiro.

Na literatura científica, são escassos os estudos que investigam os efeitos da endogamia na goiabeira (*P. guajava*), sendo que a maioria dessas pesquisas é proveniente do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. No entanto, os resultados dessas pesquisas têm

sido promissores. Um estudo conduzido por Maitan (2022) avaliou o efeito da endogamia na qualidade fisiológica de sementes produzidas por goiabeiras ao longo de duas gerações de autofecundação, não identificando impactos adversos nas características e na qualidade fisiológica das sementes produzidas.

Por outro lado, Ambrósio et al. (2022) avaliaram 18 famílias endogâmicas S₁ de goiabeira (*P. guajava*) com o propósito de selecionar genótipos superiores para futuras gerações de autofecundação, utilizando descritores morfoagronômicos como base. Os resultados deste estudo demonstraram um ganho genético, evidenciando a capacidade de selecionar genótipos superiores para as próximas gerações de autofecundação.

Assim, é observado que diferentes espécies manifestam respostas diversas quando expostas à autofecundação, destacando a relevância de estudos que investiguem a redução da variabilidade genética e seu impacto na produção de frutos, especialmente no contexto da goiabeira.

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Área de estudo

O experimento foi conduzido na estação experimental situada na Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara, estado do Rio de Janeiro, Brasil. A Ilha Barra do Pomba está localizada na região noroeste do estado, nas coordenadas geográficas 21°40' S e 42°04' W, com uma altitude de 76 metros (Figura 2). O solo da área experimental foi classificado como Argissolo, de acordo com a nomenclatura definida pelo Soil Survey Staff (2015). Em relação ao contexto climático, a região possui uma classificação climática do tipo Aw, conforme a classificação climática de Köppen. A temperatura média anual na região é aproximadamente de 22°C, e a precipitação média anual é de cerca de 1.297 mm, conforme relatado por Alvares et al. (2013).

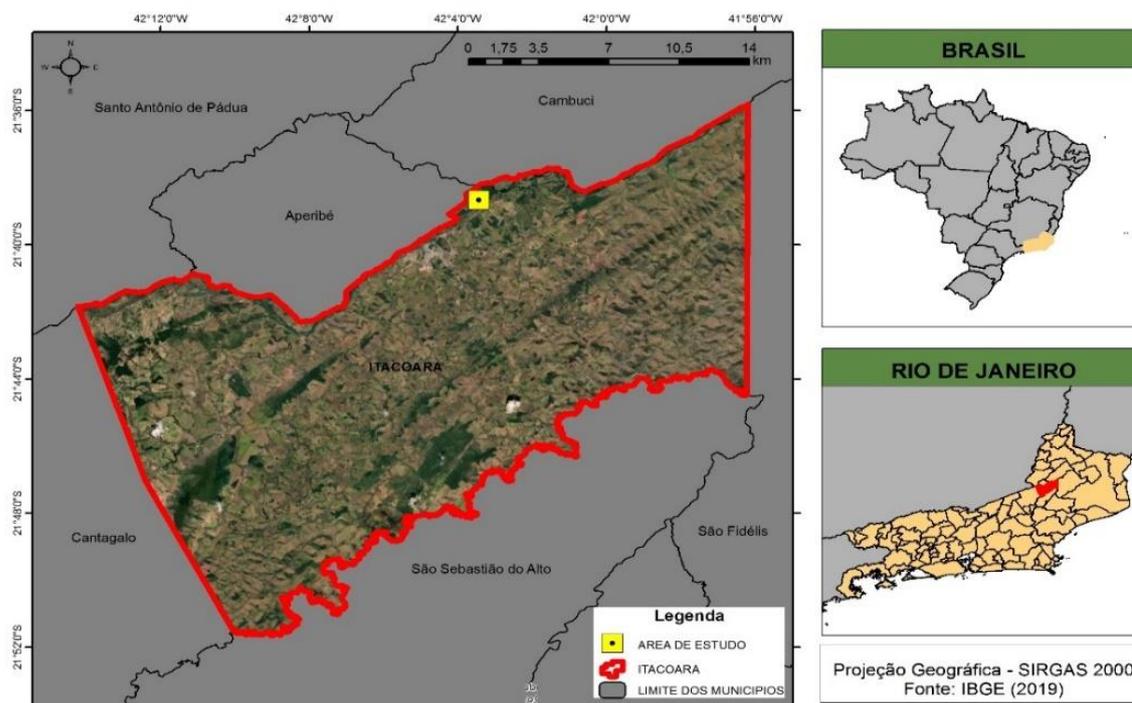


Figura 2. Mapa de Localização da área de estudo, em destaque a Ilha Barra do Pombo localizada no município de Itaocara-RJ.

3.1.3.2 Origem das populações S_1 e S_2

Primeiramente, foram originadas 18 famílias S_1 de goiabeira, obtidas por autofecundações de indivíduos superiores resultantes de cruzamentos controlados bi-parentais realizados por Quintal et al. (2017) em setembro e outubro de 2008, no município de Bom Jesus do Itabapoana, localizado na região Noroeste Fluminense (Figura 3A). Posteriormente, essas famílias foram avaliadas por Ambrósio et al. (2021) e dessas famílias foram selecionados os genótipos mais promissores para autofecundação e obtenção das 10 famílias S_2 (Figura 3B).

O detalhamento das obtenções das populações em estudo encontra-se na Tabela 1.



Figura 3. Condução das famílias S₁ (A) e S₂ de goiabeira (B) na área experimental localizada na estação experimental Ilha Barra do Pombo, no município de Itaocara, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024. Acervo: Próprio.

Tabela 1. Genealogia das 18 famílias S₁ e 10 famílias S₂ de *P. guajava*. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, 2024)

¹ Genitores (S ₁)	Famílias originadas (S ₁)	*Genitores (S ₂)	Famílias originadas (S ₂)
F17/G5/B1	Família 1	F1/G6/B3	Família 1
F7/G9/B1	Família 2	-	-
F13/G3/B1	Família 3	-	-
F4/G6/B1	Família 4	F4/G8/B2	Família 2
F5/G8/B1	Família 5	-	-
F4/G5/B2	Família 6	F6/G3/B1	Família 3
F13/G4/B1	Família 7	F7/G4/B3	Família 4
F5/G10/B1	Família 8	F8/G2/B2	Família 5
F3/G7/B1	Família 9	F9/G9/B3	Família 6
F10/G5/B1	Família 10	F10/G7/B3	Família 7
F5/G4/B1	Família 11	F11/G2/B2	Família 8
F2/G6/B2	Família 12	F12/G1/B2	Família 9
F8/G4/B1	Família 13	-	-
F5/G9/B1	Família 14	-	-
F3/G11/B1	Família 15	-	-
F3/G5/B1	Família 16	-	-
F4/G9/B1	Família 17	F17/G9/B2	Família 10
F4/G8/P1	Família 18	-	-
Total	540 genótipos		300 genótipos

¹Genitores das plantas S₁ e S₂. F/G/B: se refere aos genótipos selecionados dentro de cada família e bloco, os quais foram posteriormente autofecundados para originar os genótipos S₂.

3.1.3.3 Delineamento experimental

As plantas das 18 populações S₁ foram estabelecidas no mês de julho de 2014, enquanto as 10 famílias da população S₂ foram plantadas no dia 24 de janeiro de 2020. Para a avaliação dessas populações, adotou-se um delineamento experimental em blocos casualizados, com três repetições e 10 plantas por parcela.

3.1.3.4 Tratos culturais

Ao longo da condução dos experimentos, foram realizadas podas (Figura 4) e desbrotas conforme necessário. Além disso, a calagem e adubação dos plantios foram executadas de acordo com as recomendações estabelecidas por Costa e Costa (2014). Essas práticas de manejo foram adotadas com o intuito de

garantir o adequado desenvolvimento das plantas, seguindo as diretrizes estabelecidas pela literatura especializada.



Figura 4. Alguns dos tratamentos culturais realizados nas populações S₁ e S₂ de goiabeira, na área experimental localizada na estação experimental Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024. Acervo: Próprio.

3.1.3.5 Características avaliadas

No total, foram avaliados 400 genótipos das famílias S₁ e 150 genótipos das famílias S₂. De cada genótipo foram avaliados cinco frutos, utilizando oito descritores, especificados para a espécie *P. guajava* L., conforme definidos pelo Ministério da Agricultura (MAPA, 2018) (Figura 5).

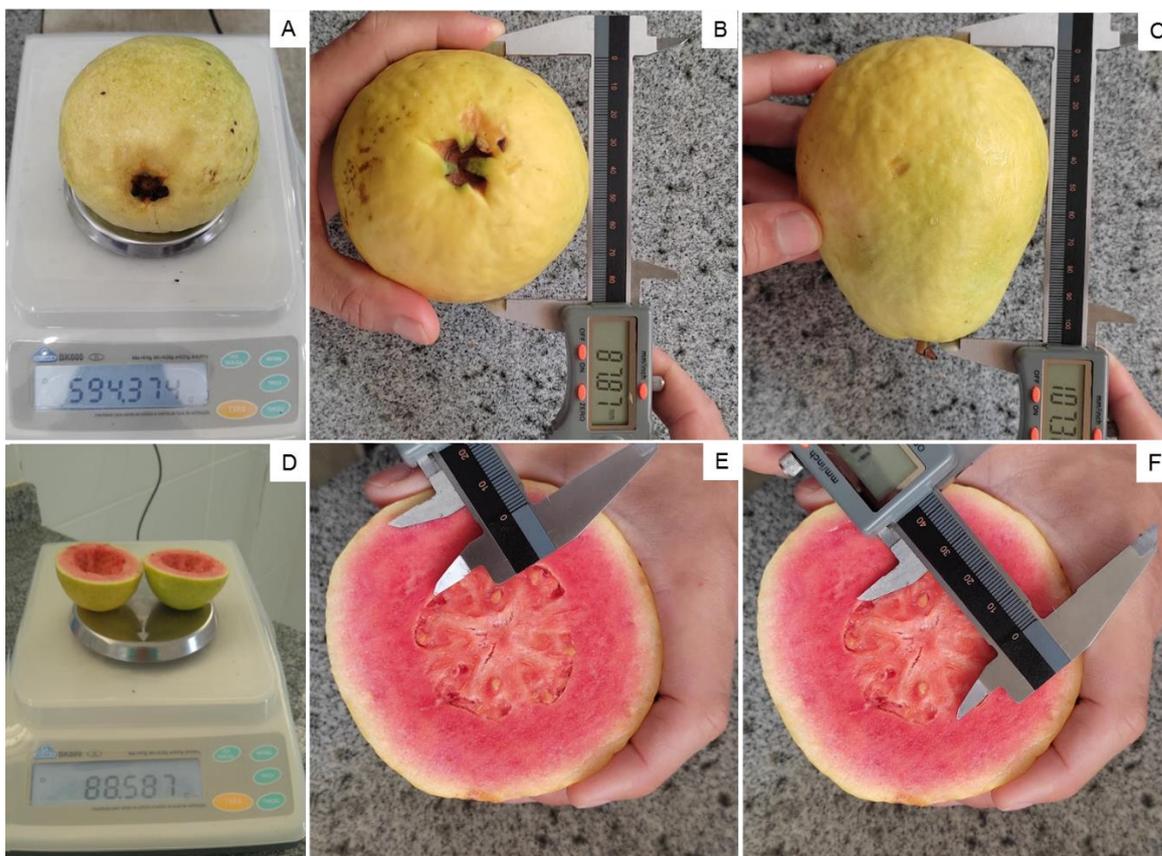


Figura 5. Avaliações dos frutos das populações S₁ e S₂ de goiabeira. Massa de frutos (A), diâmetro do fruto (B), comprimento do fruto (C), massa da polpa (D), espessura do mesocarpo (E) e espessura do endocarpo (F). Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024. Acervo: Próprio.

Os descritores morfoagronômicos utilizados foram os seguintes:

- I. Massa de fruto (MF): obtida a partir de uma amostra de cinco frutos colhidos de cada genótipo, pesados em uma balança semianalítica e expressos em gramas (Figura 5A);
- II. Diâmetro transversal do fruto (DF): medido na região equatorial dos cinco frutos da amostra, utilizando um paquímetro e expresso em milímetros (Figura 5B);
- III. comprimento do fruto (CF): medido na região longitudinal dos cinco frutos colhidos de cada genótipo, com o auxílio de um paquímetro e expresso em milímetros (Figura 5C);
- IV. Relação comprimento e diâmetro do fruto (C/D): calculada como a razão entre o comprimento e o diâmetro do fruto, sem unidade de medida;
- V. Espessura do mesocarpo (EM): medida em dois lados da região mediana do fruto, utilizando um paquímetro, e expressa em milímetros (Figura 5E);

- VI. Espessura do endocarpo (EE): medida na região onde se concentram as sementes, na região da placenta, com o auxílio de um paquímetro digital e expressa em milímetros (Figura 5F);
- VII. Massa da polpa (MP): obtida pela subtração da massa total do fruto pela massa da placenta, representando a massa da região do mesocarpo (Figura 5D), e
- VIII. Teor de sólidos solúveis (TSS): determinado a partir do suco extraído de uma amostra do tecido da polpa do fruto, utilizando uma prensa manual. As leituras foram feitas com um refratômetro portátil ATAGO N1, e os resultados foram expressos na escala de 0 a 32° Brix.

3.1.3.6 Obtenção da análise de variância

Inicialmente foi realizada uma estatística descritiva para ter uma visão geral dos dados. Após isso, foram utilizados modelos lineares mistos em linguagem R através da função `lme4::lme4` utilizando o pacote `nlme` (Pinheiro et al., 2023), utilizando a máxima verossimilhança restrita (REML) como estimador e o melhor preditor linear não viesado (BLUP), aplicados individualmente para cada característica como variável resposta, seguindo o modelo:

$$Y_{(ijkl)} = \beta_0 + \beta_1 g_{(i)} + \beta_2 s_{(j)} + \beta_3 (t/g)_{(kl)} + \epsilon_{(ijkl)}$$

Em que: $Y_{(ijk)}$ é o vetor dos valores fenotípicos de cada característica no i -ésimo genótipo da j -ésima família no k -ésimo bloco; β_0 é um parâmetro associado ao modelo (interceptação); $g_{[i=1,\dots,?]}$ é o vetor paramétrico dos efeitos aleatórios do i -ésimo genótipo, associado ao vetor Y pela matriz de incidência conhecida β_1 , assumindo que $g \sim N(\mu_g, \sigma_g^2)$, onde σ_g^2 é a matriz de variância genética; $s_{[j=1,\dots,2]}$ é o vetor paramétrico dos efeitos fixos da j -ésima geração, associado ao vetor Y pela matriz de incidência conhecida β_2 , assumindo que $s \sim N(\mu_s, \sigma_s^2)$, onde σ_s^2 é a variância da geração; b/f é o vetor paramétrico dos efeitos aleatórios da j -ésima família dentro do k -ésimo bloco, influenciando tanto a interceptação quanto a inclinação, associado ao vetor Y pela matriz de incidência conhecida β_3 ; e ϵ é o vetor dos efeitos residuais aleatórios, assumindo que $\epsilon \sim N(0, \sigma_\epsilon^2)$, onde σ_ϵ^2 é a variância residual.

3.1.3.7 Obtenção das estimativas de médias, correlação de Pearson e homozigidade

Após checagem do efeito significativo da geração, uma análise individual seguindo o mesmo modelo supracitado (filtrando dados de cada geração) foi realizada para cada característica como variável resposta. A partir do modelo individual, foram obtidos os valores preditos de médias das características para ambas gerações, correlação (Pearson) entre as gerações para cada variável, soma de quadrados do efeito de geração e sua significância.

Também foram obtidas estimativas de homozigose, com base no modelo:

$$Ho = [(\overline{MS}_2 - \overline{MS}_1) / \overline{MS}_1] * 100$$

Em que: Ho é a homozigose da geração S_2 em relação a geração S_1 , \overline{MS}_2 é a média estimada da geração S_2 no modelo conjunto, desconsiderando todos os efeitos das fontes de variação, e \overline{MS}_1 é a média estimada da geração S_1 no modelo conjunto, desconsiderando todos os efeitos das fontes de variação. Este modelo foi adaptado da descrição feita por Gardner e Eberhart (1966). A significância da homozigose estimada foi verificada através de:

$$t = \frac{MS_2 - MS_1}{\sqrt{\frac{3QM_{resíduo}}{3r}}}$$

Em que: t estatística t para avaliação da significância da homozigose de uma geração em relação a outra, $QM_{resíduo}$ é o quadrado médio do resíduo do modelo conjunto e r é o número de repetições.

3.1.3.8 Análise da diversidade genética pela distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA

Subsequentemente, procedeu-se à estimativa da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Mahalanobis, 1936) como uma métrica de dissimilaridade entre as famílias, tomando em consideração as médias fenotípicas em cada geração de

maneira individualizada. A aplicação da distância de Mahalanobis visou a avaliação do nível de diversidade genética em duas gerações sucessivas de autofecundação de goiabeira. Em seguida, utilizou-se o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average*) para expressar graficamente a distância entre as famílias. Para determinar o número ótimo de grupos no método UPGMA, foi utilizado o critério de Mojena (1977). Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2016).

3.1.3.9 Análise descritiva via Box plot

Também foram gerados, gráficos box plots com base na seguinte equação para se obter as visualizações gráficas dos dados, visando distinguir o desempenho das populações S_2 em relação a S_1 . O box plot é um procedimento que auxilia a análise exploratória dos dados, baseado nas estimativas das separatrizes, que são a mediana (md) e os quartis (Q_i) e insere informações de um conjunto de dados dentro de um gráfico que permite a fácil visualização e compreensão desses dados (lemma, 1992). A mediana corresponde ao ponto que divide os dados em duas metades iguais (50%) da distribuição e é estimada segundo a equação:

$$md = 1_{md} + \frac{\left(\frac{n}{2} - F_{ant}\right)}{f_{md}} \cdot a_{md}$$

Em que: 1_{md} é o limite inferior da classe mediana; F_{ant} é a frequência acumulada à direita da classe e anterior à classe mediana (valor acumulado); f_{md} é a frequência absoluta simples da classe mediana (valor do número de dados observados) e a_{md} é a amplitude da classe mediana (subtração entre o valor máximo e mínimo da classe).

Os quartis representam porcentagens dos dados, sendo que o primeiro quartil (Q_1) envolve 25% dos dados e o terceiro quartil (Q_3) envolve 75%, e representados pelas equações:

$$Q_1 = 1_{Q_1} + \frac{\left(\frac{n}{4} - F_{ant}\right)}{f_{Q_1}} \cdot a$$

$$Q3 = 1_{Q3} + \frac{\left(\frac{3n}{4} - F_{ant}\right)}{f_{Q3}} \cdot a$$

Em que: 1_{Q1} e 1_{Q3} são os limites inferiores das classes que contém o primeiro quartil (Q1) e o terceiro (Q3); F_{ant} é a frequência acumulada da classe anterior à classe que contém o quartil que está sendo estimado; f_{Q1} e f_{Q3} : frequências absolutas simples das classes que contém os quartis e a é a amplitude da classe do quartil que está sendo estimado.

Por meio desta análise com box plot, são estimadas as medianas que correspondem ao ponto que divide os dados em duas metades iguais (50%) da distribuição, assim como as estimativas dos quartis que representam porcentagens específicas dos dados, sendo o primeiro quartil (Q1) abrangendo 25% dos dados e o terceiro quartil (Q3) abrangendo 75%. A posição relativa das medianas em relação às médias nos boxes plots pode indicar a assimetria da distribuição. Quando a mediana está abaixo da média, isso sugere assimetria positiva, com uma cauda direita mais longa. Por outro lado, quando a mediana é maior que a média, isso aponta para a assimetria negativa, com uma cauda esquerda mais longa. Em uma distribuição simétrica, a mediana está no centro do retângulo do box plot, refletindo equilíbrio entre as caudas.

Os gráficos box plots foram obtidos com auxílio do software R Studio (R Core Team, 2021) utilizando o pacote biplot2 (Wickham, 2016).

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1 Análise descritiva das famílias endogâmicas S_1 e S_2 via box plot

Ao analisar os gráficos de box plots, identificou-se simetria nas características MF, MP, CF, DF, CD, EM e EM para ambas as populações em estudo. Essa simetria é reconhecida pela correspondência entre a linha

representativa do segundo quartil (mediana) e o ponto central no gráfico de caixa (Figura 6). Tal correspondência sugere uma distribuição equilibrada em relação à média dos valores associados a essas características, indicando uniformidade na disposição dos dados. A uniformidade da distribuição evidencia uma diminuição na variação intrapopulacional em relação às características avaliadas. Em termos mais diretos, a maioria dos indivíduos apresentam valores próximos para esses atributos específicos, resultando em uma redução na diferença entre os diversos membros da população. Essa uniformidade é atribuível a estratégia de melhoramento empregada neste estudo. Apesar da redução na variabilidade genética, as famílias S₂ beneficiaram-se de melhorias quantitativas na maioria das características analisadas. Isso ressalta a eficácia dessa abordagem ao promover o incremento nas características de frutos nas plantas da população S₂.

Ao ser analisada a característica TSS, foi identificado uma assimetria negativa na população S₁. Nesse contexto, observou-se que a diferença entre o primeiro quartil e a mediana é mais pronunciada em comparação com a diferença entre a mediana e o terceiro quartil. Essa observação indica uma dispersão mais ampla dos valores menores à esquerda da distribuição, enquanto a média se apresenta inferior à mediana. Em contrapartida, na população S₂, evidenciou-se uma distribuição mais uniforme e simétrica em relação à mediana. Tal constatação sugere que os dados estão equilibradamente distribuídos em torno da mediana, sem apresentar inclinações direcionais.

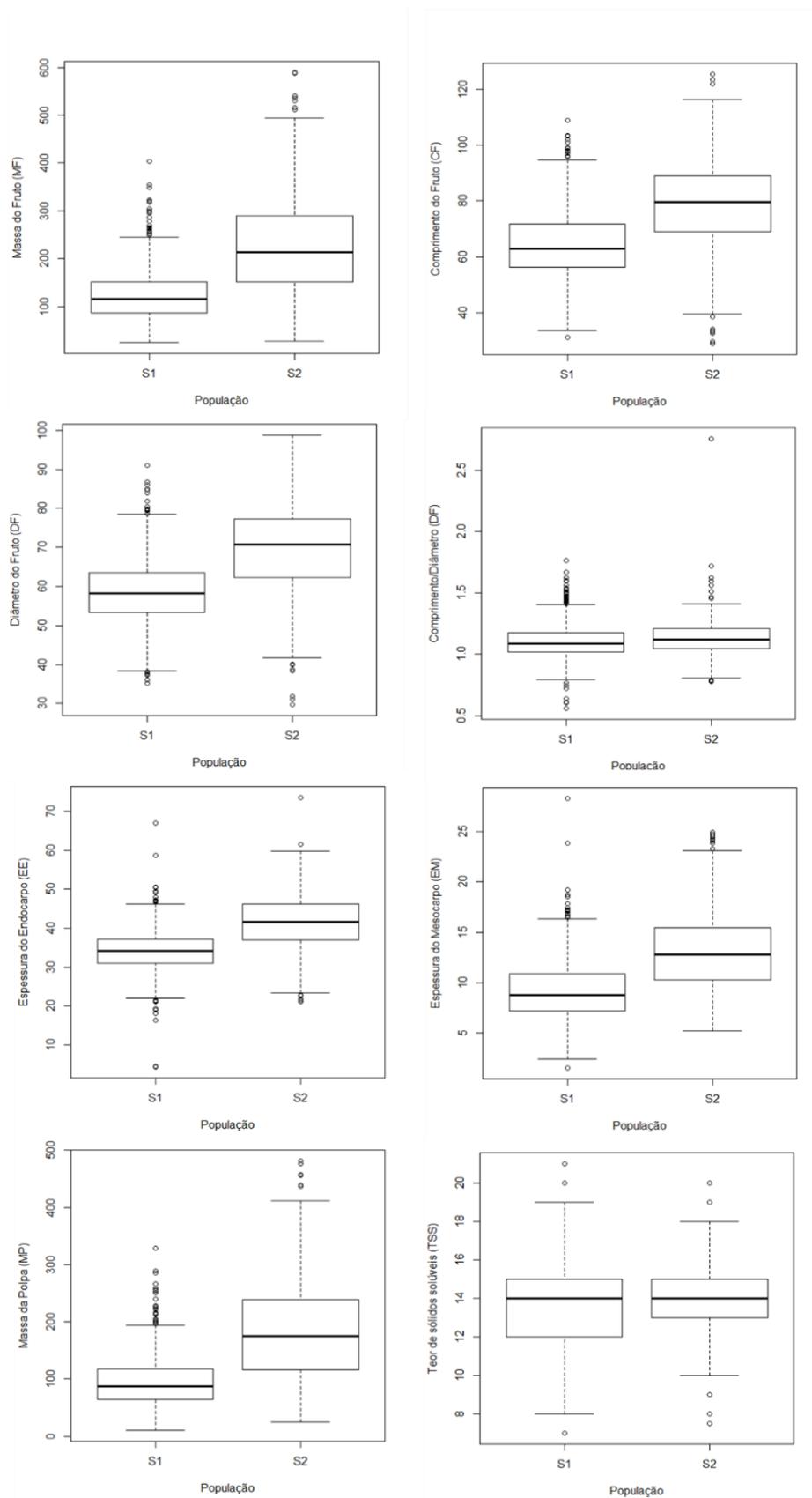


Figura 6. Box plot para oito características agrônômicas de frutos de *P. guajava* em 18 famílias S₁ e 10 famílias S₂. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024.

3.1.4.2 Análise de variância

A Tabela 2 apresenta o resumo da análise de variância para as populações S_1 e S_2 referentes aos oito caracteres de frutos avaliados. Os quadrados médios individuais das gerações apresentaram efeitos significativos ($p < 0,05$) em todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade dentro e entre as populações avaliadas. A variabilidade genética observada nas famílias endogâmicas pode ser explicada pelo fato de essas populações serem provenientes da primeira (S_1) e segunda (S_2) gerações de autofecundação. Na geração S_1 , há um aumento de 50% na homozigose e uma redução correspondente na heterozigose na progênie. Na geração S_2 , a autofecundação eleva a homozigose para 75%, sem eliminar completamente a variabilidade genética entre os indivíduos. Esses dados indicam que, mesmo em famílias endogâmicas S_1 e S_2 , é possível selecionar indivíduos promissores, o que pode resultar em ganhos genéticos significativos para as características de interesse.

Tabela 2. Resumo da análise de variância de oito caracteres de frutos das 18 famílias S_1 e 10 famílias S_2 de *P. guajava*. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024.

Características/Quadrado médio									
FV	GL	MF	CF	DF	CD	EM	EE	MP	TSS
S_1	17	1183900*	3555.6*	1064.69*	0,3651*	139.41*	396.61*	50.128*	33.46*
S_2	9	2603448*	3038.9*	1992.64*	0.096*	203.34*	860.60*	98001*	21.95*
S_1 vs S_2	1	3948540*	75583*	45096*	0.206*	6233.7*	18800.2*	2985997*	98.08*
Resíduo	1509	1659	56	32	0.043	5.2	16	1190	2.111

Legenda: FV: fonte de variação; GL: grau de liberdade; MF: massa de fruto, CF: comprimento do fruto, DF: diâmetro do fruto, CD: relação comprimento e diâmetro, EM: espessura do mesocarpo, EE :espessura do endocarpo, MP: massa da polpa e TSS: teor de sólidos solúveis, *: significativo a 0,05%.

3.1.4.3 Estimativas dos valores preditos de médias, correlação (Pearson) e estimativas de homozigose (H_0)

Para o desempenho das gerações, é importante destacar que as gerações S_2 apresentaram médias superiores em relação às médias das gerações S_1 em todos os caracteres avaliados, com ênfase nas características de maior interesse

agronômico da cultura denominadas MF e MP. Esses resultados indicam que a superioridade observada pode ser atribuída à fixação de alelos favoráveis para as características sob melhoramento.

Tabela 3. Estimativas dos valores preditos de médias das oito características para as populações S₁ e S₂ de *P. guajava*, correlação (Pearson) entre as gerações para cada variável, soma de quadrados do efeito de geração (SQ) e sua significância, estimativas de homozigose (H₀). Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024.

Gerações	Estimativas médias	Erro padrão	Correlação	SQ	H ₀
Massa do fruto (MF)					
POP S ₁	122,41	5,43	0,79	45334405***	90,86*
POP S ₂	233,60	6,14			
Comprimento do fruto (CF)					
POP S ₁	64,40	1,34	0,87	8748437***	22,28 ^{ns}
POP S ₂	78,71	1,44			
Diâmetro do fruto (DF)					
POP S ₁	59,16	0,71	0,78	7052328***	20,07 ^{ns}
POP S ₂	71,04	0,81			
Comprimento/diâmetro (CD)					
POP S ₁	1,10	0,014	0,65	2311.83***	1,09 ^{ns}
POP S ₂	1,11	0,017			
Espessura do mesocarpo (EM)					
POP S ₁	8,83	0,29	0,83	200539***	51,27 ^{ns}
POP S ₂	13,34	0,32			
Espessura do endocarpo (EE)					
POP S ₁	34,36	0,50	0,80	2445838***	21,45 ^{ns}
POP S ₂	41,74	0,56			
Massa da polpa (MP)					
POP S ₁	93,17	4,54	0,78	28442104***	102,59*
POP S ₂	188,76	5,16			
Teor de sólidos solúveis (TSS)					
POP S ₁	13,58	0,13	0,69	346889***	4,04 ^{ns}
POP S ₂	14,13	0,16			

Legenda: SQ: Soma de quadrados, H₀: estimativas de homozigose, *: significativo a 0,05%, ***: significativo a 0,1% e ns: não significativo.

Além disso, constatou-se que as características massa do fruto (MF) e massa da polpa (MP) apresentaram altos índices de homozigose, com valores de 90,86 e 102,59, respectivamente. Esses resultados estão associados a um incremento significativo nas características relacionadas aos frutos na população S₂. A elevada homozigose observada, juntamente com o aumento da média da massa do fruto, sugere que a homozigose pode desempenhar um papel crucial na fixação de alelos favoráveis. No contexto do melhoramento genético da goiabeira, a melhoria das características dos frutos é considerada positiva, especialmente dado o número limitado de estudos sobre o desenvolvimento de linhagens

utilizando famílias endogâmicas. Essa abordagem facilita a seleção de indivíduos homocigotos para características desejadas, aumentando a probabilidade de transmissão dessas características para gerações futuras.

As estimativas de correlação entre as populações S_1 e S_2 variaram de 0,65 a 0,87, sendo que as características MF, CF, DF, CD, EE, EM apresentaram correlação superior a 0,70, o que é considerado forte segundo Dancey e Reidy (2018). Considerando o contexto de populações endogâmicas, em que a reprodução ocorre predominantemente pela autofecundação dos genótipos mais produtivos, essa forte associação sugere que as características estudadas estão sendo repassadas para as a geração subsequente.

Com o propósito de verificar a relação entre as duas populações avaliadas foi obtido o diagrama de dispersão para as duas populações estudadas e oito características, conforme apresentado na Figura 7.

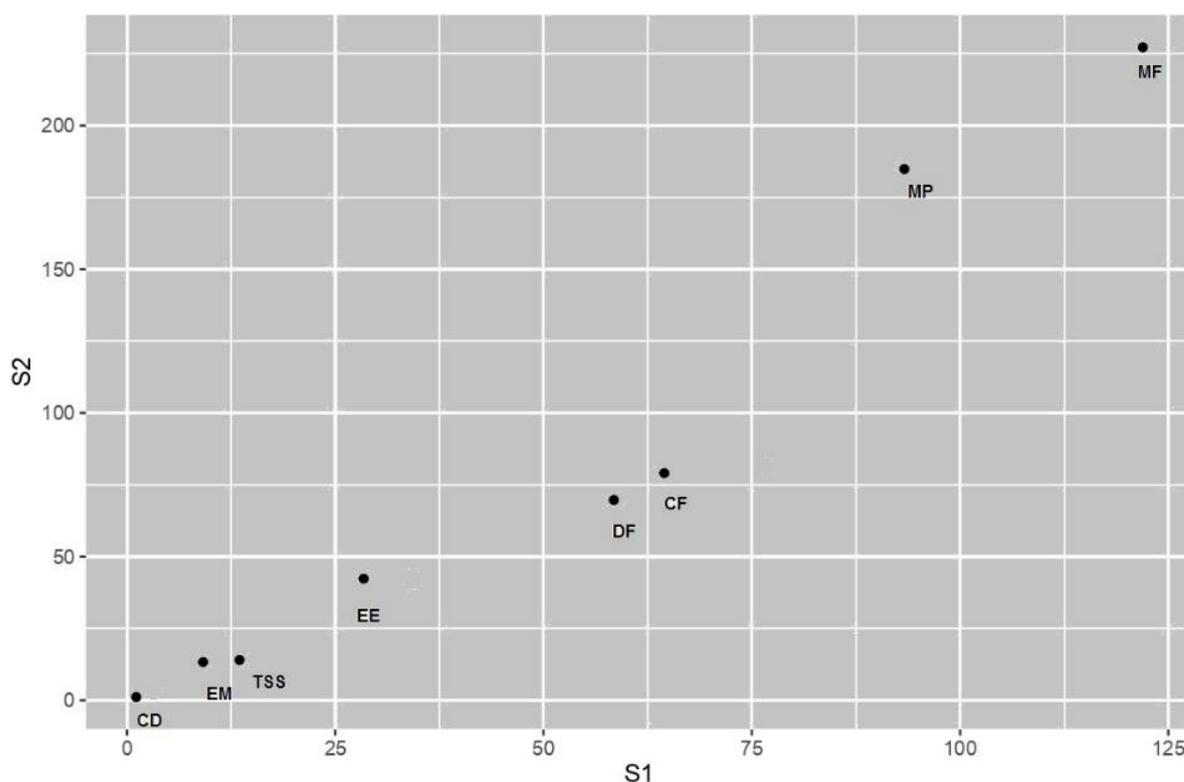


Figura 7. Gráfico de dispersão entre as populações endogâmicas S_1 e S_2 de *P. guajava* para oito características agrônômicas de fruto. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024.

A análise revelou a presença de uma correlação positiva entre as variáveis e uma baixa dispersão dos dados, evidenciada pela tendência crescente linear dos caracteres no gráfico. A relação linear entre duas variáveis significa que o aumento em uma das variáveis está relacionado com um aumento na outra variável. Esses resultados estão em consonância com a estratégia de melhoramento adotada neste estudo e indicam que a goiabeira possui uma baixa suscetibilidade à depressão por endogamia, beneficiando-se positivamente das autofecundações. Isso é evidenciado pelo aumento na média dos caracteres nas gerações S_2 em comparação com a geração S_1 , sugerindo a fixação de alelos favoráveis como possível explicação para esse incremento.

Poucos estudos têm sido dedicados à investigação da depressão endogâmica em *Psidium guajava*. No entanto, Maitan (2022) avaliou o efeito da endogamia na qualidade fisiológica das sementes dessas populações e os resultados não indicaram impacto negativo na qualidade das sementes produzidas. Além disso, Ambrósio et al. (2022) realizaram uma investigação mais abrangente ao examinar 18 famílias endogâmicas S_1 de goiabeira, com o objetivo de selecionar genótipos superiores para futuras gerações de autofecundações. Utilizando descritores morfoagronômicos, os resultados foram positivos e evidenciaram ganho genético, levando à seleção de genótipos superiores para as próximas gerações de autofecundação.

3.1.4.4 Diversidade genética utilizando a distância de Mahalanobis e agrupamento UPGMA

Utilizando o método da ligação média entre grupos UPGMA, foram determinados pontos de corte no dendrograma (Figura 8) a uma distância de 17.5 para a população S_1 e 36.5 para a população S_2 . Esses pontos de corte foram definidos com base no critério de Mojena (1977), correspondendo a 76,05% e 99,47% da distância máxima observada nos níveis de fusão das populações analisadas, respectivamente.

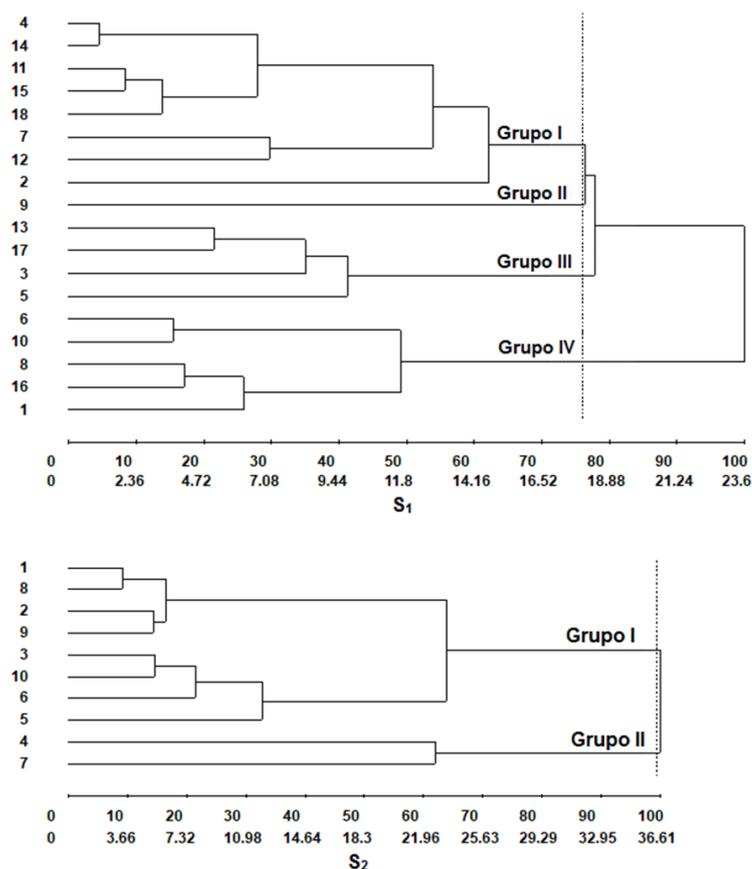


Figura 8. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 18 famílias S_1 e 10 famílias S_2 de *P. guajava*, considerando as médias fenotípicas em cada geração, obtido pelo método UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2024.

Assumindo o ponto de corte estabelecido, foram identificados quatro grupos na população S_1 e dois grupos na população S_2 . Observou-se uma prevalência mais significativa de agrupamentos na população S_1 em comparação com a S_2 . Esse fenômeno pode ser atribuído ao maior número de famílias avaliadas na S_1 (18 famílias) em contraste com as 10 famílias na S_2 , bem como à maior variabilidade genética presente na S_1 . Ademais, tais resultados evidenciam a redução na variabilidade genética das plantas na população S_2 , decorrente do processo de autofecundação. Apesar da redução no número de grupos e consequentemente a redução da diversidade genética na população S_2 , não foram observadas redução na média dos caracteres de frutos dessas famílias pelo processo de autofecundação. Pelo contrário, foi constatado que a goiabeira,

mesmo sendo uma espécie com sistema reprodutivo misto, se beneficia positivamente com o aumento da homozigose ocasionada pela autofecundação.

Os estudos de diversidade genética, por meio de caracteres agrônômicos, desempenham um papel fundamental na caracterização e compreensão da variabilidade genética existente em uma população. No caso específico da goiabeira, tais estudos têm sido amplamente aplicados para a identificação de genótipos mais divergentes, como relatado nos estudos de Santos et al. (2011), Krause et al. (2017) e Ambrósio et al. (2022). No entanto, é importante destacar que existem poucos estudos que investigam a diversidade genética em nível de famílias endogâmicas.

A variabilidade genética encontrada nas famílias S_1 pode ser explicada por duas razões. Primeiro, isso pode ser atribuído à alta variabilidade genética encontrada por Pessanha et al. (2011) na população inicial (S_0), o que pode ter resultado em uma maior diversificação genética em S_1 . Além disso, a espécie em estudo apresenta uma preferência pela fecundação cruzada (Alves e Freitas, 2007; Pessanha et al., 2011), isso significa que há uma maior probabilidade de ocorrer cruzamento entre indivíduos diferentes, resultando em uma maior diversidade genética na população. O segundo aspecto relevante a ser considerado trata-se da utilização de sementes originárias de genitores heterozigotos na produção de mudas. Conforme apontado por Alves e Freitas (2007), a heterozigosidade dos genitores desempenha um papel crucial no aumento da diversidade genética da população resultante. Assim, a combinação entre a alta variabilidade genética inicial, a preferência pela fecundação cruzada e o uso de genitores heterozigotos na produção de mudas podem ser apontada como uma explicação para a maior quantidade de agrupamentos observados na população S_1 em comparação às famílias S_2 .

Os resultados deste estudo, relativos aos caracteres fenotípicos, corroboram com as conclusões de Reis (2023), que utilizou marcadores moleculares SSR para caracterizar ambas as populações examinadas. A autora identificou maior variabilidade genética nas famílias S_1 e redução da heterozigosidade em famílias S_2 .

Os resultados obtidos neste estudo fornecem conhecimentos valiosos para a fixação de alelos favoráveis em genótipos de interesse, resultando em materiais de alta qualidade e uniformidade para os produtores de goiaba. Dada a

versatilidade do sistema de reprodução da goiabeira e a ausência de impactos negativos relacionados à homozigose, várias estratégias podem ser exploradas para o melhoramento genético. Entre essas estratégias, destacam-se o cruzamento entre diferentes cultivares e a exploração da heterose intraespecífica, que pode resultar em híbridos com características superiores e maior produtividade. Além disso, é crucial dar continuidade ao programa de melhoramento genético com famílias endogâmicas, monitorando os níveis de endogamia a cada geração de autofecundação na população S_3 . Esse acompanhamento permitirá otimizar a seleção de linhagens superiores e maximizar os ganhos genéticos.

3.1.5 CONCLUSÃO

As duas gerações de autofecundações não resultaram em uma redução prejudicial na diversidade genética da goiabeira.

A goiabeira demonstra uma baixa suscetibilidade à depressão por endogamia, o que traz benefícios positivos ao realizar autofecundações.

Esses resultados fornecem um sólido respaldo para a continuidade do programa de melhoramento utilizando famílias endogâmicas e sinalizam a progressão para as famílias S_3 como uma abordagem promissora.

3.2 UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS NA ESTIMAÇÃO DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S₁ DE *Psidium guajava* L.

3.2.1 INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma espécie amplamente distribuída por todo o território brasileiro, com significativa importância econômica (Oliveira et al., 2012). O principal produto da goiabeira são os frutos, os quais são explorados de várias maneiras, sendo comercializados in natura, em conserva ou como geleia (Gonzaga et al., 2003; Castro e Ribeiro, 2020). Além do valor econômico, os frutos da goiabeira são valorizados pelo seu aroma e alto valor nutricional, contendo quantidades substanciais de ácido ascórbico, cálcio, fibras, licopenos e vitaminas A, B2, B6, C e E (Pommer et al., 2012). Tais características são relevantes tanto para o consumo *in natura* quanto, especialmente, para o processamento dessa fruta, pois podem resultar em uma redução no uso de aditivos químicos (Lima et al., 2003).

O Brasil destaca-se entre os cinco maiores produtores mundiais de goiaba, com uma produção estimada de aproximadamente 564,8 mil toneladas, cultivadas em uma área de 22,6 mil hectares. Esse cultivo resulta em um rendimento médio de 24,9 toneladas por hectare por ano e um retorno estimado de R\$ 1,1 milhões (IBGE, 2022). Entre as regiões produtoras, Pernambuco lidera com uma produção

de 196,4 mil toneladas, seguido por São Paulo (188,3 mil toneladas), Ceará (22,8 mil toneladas), Minas Gerais (17,1 mil toneladas) e Rio de Janeiro (16,6 mil toneladas) (IBGE, 2022). O estado do Rio de Janeiro, com seu significativo potencial produtivo, desempenha um papel importante na produção nacional de goiabas. Assim, o desenvolvimento de uma cultivar de alto potencial produtivo é essencial para maximizar a produção e atender à crescente demanda por essa fruta.

A seleção de espécies perenes, especialmente para características de produção, implica em um processo intensivo, devido aos longos ciclos produtivo e reprodutivo, além de enfrentar desafios como o desbalanceamento experimental, comum na experimentação com fruteiras. A metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) surge como uma ferramenta crucial nesse contexto. Por meio dessa abordagem, é possível estimar os componentes de variância utilizando o método de máxima verossimilhança restrita (REML), seguido pela predição dos valores genotípicos através da melhor predição linear não viciada (BLUP) (Resende, 2002; Viana e Resende, 2014). Tais estimativas são fundamentais para a análise dos parâmetros genéticos, destacando-se a herdabilidade e a repetibilidade como os mais relevantes (Dalla Bruna et al., 2012).

Nos estudos com progênies, compreendendo sucessivas avaliações com vistas ao lançamento de novas cultivares ou à escolha de parentais para recombinação, é possível estimar os coeficientes de repetibilidade das variáveis estudadas e quantificar o número de determinações que devem ser realizadas em um caráter para obter-se uma avaliação fenotípica mais eficiente, em menor espaço de tempo e com menor custo.

A repetibilidade, pode ser conceituada como sendo a correlação entre as medidas de determinado caráter em um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou espaço. Expressa a proporção da variância total, que é explicada pelas variações proporcionadas pelo genótipo e pelas permanentes atribuídas ao ambiente comum (Cruz e Regazzi, 1994) e, de acordo com Falconer (1981), representa o limite superior do coeficiente de herdabilidade. Valores altos da estimativa da repetibilidade do caráter indicam que é possível prever o valor real do indivíduo com um número relativamente pequeno de medições (Cruz e Regazzi, 1994); isto indica que pouco ganho em acurácia haverá com o aumento do número de medições repetidas. Neste sentido, o coeficiente de repetibilidade

tem sido utilizado em espécies perenes para melhorar a eficiência de seleção, como por exemplo em pessegueiro (Dalla Bruna et al., 2012), cafeeiro (Pereira et al., 2013), pessegueiro e nectarineira (Matias et al., 2015), goiabeira (Quintal et al., 2017; Paiva et al., 2019), pitangueira (Danner et al., 2010), e castanha-do-Brasil (Azevedo et al., 2020).

O objetivo deste trabalho foi estimar os coeficientes de repetibilidade para os caracteres massa de frutos, número de frutos e produção total de frutos, além de determinar o número mínimo de avaliações necessárias para garantir níveis de precisão na predição do valor real dos indivíduos em 18 famílias S₁ de goiabeira.

3.2.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.2.2.1 Modelos mistos na seleção de espécies perenes

A seleção de espécies perenes, especialmente para características de produção, implica em um processo intensivo devido aos longos ciclos produtivo e reprodutivo. Além disso, diversos aspectos complicam essa seleção, tais como o desbalanceamento de dados devido a perdas de plantas e parcelas, a necessidade de medições repetidas em um mesmo indivíduo ao longo de vários anos ou épocas, e a presença de uma rede experimental com diferentes números de repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais. Diante desse cenário, torna-se indispensável a utilização de métodos que estimem com precisão os componentes de variância e permitam a predição de valores genéticos individuais dos candidatos à seleção (Resende, 2002; Santos et al., 2015; Gomes et al., 2017).

Desenvolvida por Henderson (1973), a metodologia dos modelos mistos, contém efeitos de natureza fixa e aleatória, além de, considerar a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com diferentes números de informações, na mesma ou em diferentes gerações.

A metodologia dos modelos mistos REML (Máxima Verossimilhança Restrita) / BLUP (*Melhor Preditor Linear Não-Viesado*) (REML/BLUP), desenvolvida por Henderson (1973), é considerada um procedimento ótimo para avaliação genotípica. Esses procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento dos

dados, resultando em estimativas e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos, respectivamente. Nos modelos mistos (REML/BLUP), efeitos fixos e aleatórios são incluídos no mesmo modelo, independentemente da média geral e do erro experimental, permitindo a obtenção de estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios em conjunto (Resende, 2002; Resende, 2007). Nesse contexto, os tratamentos geralmente são considerados como efeitos aleatórios, enquanto os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios. Dessa forma, a utilização dos modelos mistos permite uma seleção mais precisa de plantas perenes, resultando em predições de ganhos genéticos mais confiáveis (Almeida, 2017).

O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e utiliza todos os efeitos do modelo em conjunto, o que permite a análise de dados com estrutura desbalanceada e utiliza a matriz de parentesco genético entre os indivíduos (Resende, 2007). O BLUP ótimo de seleção para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo da situação, prediz os valores genotípicos (Resende, 2007; Atroch et al., 2010).

Para aplicar a metodologia BLUP na predição dos efeitos genéticos, é fundamental ter conhecimento dos componentes de variância (Almeida, 2017). O REML estima os componentes de variância e parâmetros genéticos para situação de dados desbalanceados e de heterogeneidade de variâncias. É eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente (Resende, 2002; Resende, 2007). Juntos, esses procedimentos resultam em maior precisão, pois maximizam os ganhos genéticos, especialmente em situações de parcelas desbalanceadas (Valadares et al., 2009).

As vantagens principais da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e na predição de valores genéticos são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados, como medidas repetidas, diferentes

anos, locais e delineamentos; pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2007).

Por essas vantagens, o procedimento REML/BLUP vem sendo bastante aplicado no melhoramento de fruteiras no Brasil, e tem apresentado resultados significativos, nas seguintes espécies: cupuaçuzeiro (Maia et al., 2011), citrus (Pompeu Júnior et al., 2013), mamoeiro (Vivas et al., 2014), manga rosa (Maia et al., 2014), umbu-cajazeira (Yamamoto et al., 2017) e na goiabeira (Quintal et al., 2017; Bezerra et al., 2021; Ambrósio et al., 2021).

Maia et al. (2011) estimaram os componentes de variância e o valor genético de 36 progênies de meios-irmãos de cupuaçu oriundos de seleção massal estratificada em áreas de produtores. A avaliação foi feita com base nas variáveis de caracterização do fruto (comprimento e largura, ambos em centímetros) e nos componentes de produção avaliados em gramas (peso médio de fruto por planta, peso médio de polpa com sementes por planta e peso médio de polpa por planta). Através da metodologia REML/BLUP, foi possível selecionar parentais superiores para a formação de uma população base para o melhoramento genético do cupuaçu.

Vivas et al. (2014) conduziram um estudo no qual estimaram os componentes de variância e o valor genético de progênies de mamoeiro para incidência e severidade de mancha-de-phoma utilizando modelos mistos. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva indicaram uma situação muito favorável à seleção de progênies resistentes. Os indivíduos selecionados apresentaram valores negativos de efeitos genéticos aditivos tanto para a severidade quanto para a incidência da doença nas folhas, demonstrando o potencial de sucesso na criação de plantas mais resistentes.

Yamamoto et al. (2017), com o objetivo de determinar e estimar os parâmetros genéticos e os valores genéticos em clones de umbu-cajazeira, utilizaram o método REML/BLUP, a partir da caracterização morfológica, físico-química e química de frutos. O método utilizado permitiu a seleção de clones com alto teor de sólidos solúveis e rendimento de polpa, baseando-se no valor genotípico dos clones.

Com a goiabeira, Quintal et al. (2017) conduziram e analisaram, pelo procedimento REML/BLUP, em nível de indivíduos, 17 famílias segregantes de goiabeira. Além disso, as estimativas para parâmetros genéticos revelaram

excelente potencial de seleção na população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético a curto e longo prazo. Ademais, famílias originárias dos cruzamentos entre a UENF 1835 × UENF 1834, UENF 1831 × UENF 1832 e UENF 1831 × UENF 3739 destacaram-se por ocupar as primeiras posições no ranking para a maioria das características.

Ambrósio et al. (2021) realizaram um estudo com o objetivo de realizar a seleção, estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos para 18 famílias S₁ de goiabeiras, utilizando a metodologia de modelos mistos. O procedimento estatístico REML/BLUP foi eficiente tanto na estimativa dos parâmetros genéticos quanto na seleção de genótipos superiores. Além disso, foi possível selecionar as famílias 1, 12, 4, 6 e 8, que contribuíram para a maioria dos genótipos selecionados para as características avaliadas, sugerindo seu significativo potencial para gerar genótipos de alta qualidade e alto rendimento.

3.2.2.2 Modelos mistos na análise de medidas repetidas

Ao realizar avaliações sucessivas em um mesmo indivíduo, é possível verificar a consistência do desempenho demonstrado pelo genótipo por meio do coeficiente de repetibilidade. Este coeficiente é influenciado pela característica em estudo, a qual, por sua vez, é afetada pelas propriedades genéticas presentes na população e pelas condições ambientais (Cruz et al., 2012).

De acordo com Falconer (1987), a repetibilidade oferece um indicativo máximo da herdabilidade e, de maneira indireta, possibilita quantificar as observações fenotípicas necessárias em cada indivíduo para realizar uma seleção eficaz. Além disso, sua estimativa é mais simples em comparação com a herdabilidade, pois não requer cruzamentos controlados ou estudos de progênes.

Por meio do método REML/BLUP, é possível estimar parâmetros genéticos, sendo a herdabilidade e a repetibilidade os mais importantes (Dalla Bruna et al., 2012). A herdabilidade talvez seja o principal parâmetro genético a ser obtido nos programas de melhoramento vegetal. Este parâmetro refere-se à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica, o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres. Sua compreensão possibilita a execução dos procedimentos e estratégias a serem adotadas nas etapas do desenvolvimento de

uma cultivar (Falconer, 1987; Resende, 2002). Por outro lado, a repetibilidade mede a capacidade de os organismos repetirem a expressão do caráter, ao longo de vários períodos de tempo, no decorrer de suas vidas. De acordo com Resende (2002), esse parâmetro genético, permite acompanhar se a superioridade de alguns genótipos ao longo dos anos, ou se será afetada por alguma condição ambiental.

A distinção entre repetibilidade e herdabilidade surge porque a variância genotípica usada para calcular a repetibilidade não é exclusivamente de origem genética. Isso ocorre porque o componente de variância do ambiente permanente entre os indivíduos está incluído, o que pode causar confusão. Conseqüentemente, à medida que a variância gerada pelos efeitos permanentes do ambiente é reduzida, a repetibilidade se aproxima da herdabilidade. Se a variância genotípica estimada fosse puramente de natureza genética, os coeficientes de repetibilidade estimados seriam iguais à herdabilidade das características (Costa, 2003; Lopes et al., 2001).

O coeficiente de repetibilidade quantifica o grau de determinação genética de uma característica específica. A presença de variância causada pelo ambiente permanente pode introduzir erros nos estudos genéticos, diminuindo sua precisão. Por isso, os melhoristas buscam minimizar essa variância por meio de um manejo cuidadoso. Esse esforço permite que o valor do coeficiente de repetibilidade se aproxime o máximo possível da estimativa da herdabilidade (Shimoya et al., 2002).

O conhecimento do coeficiente de repetibilidade das características de interesse permite avaliar o dispêndio de tempo e de mão de obra necessários para que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com a acurácia desejada pelo pesquisador. Considerando o padrão de duas medições, Resende (2002) propõe a seguinte classificação para o coeficiente de repetibilidade: repetibilidade alta ($r \geq 0,60$); repetibilidade média ($0,30 < r < 0,60$), e repetibilidade baixa ($r \leq 0,30$). Valores altos da estimativa do coeficiente de repetibilidade do caráter avaliado indicam que é possível predizer o valor real dos indivíduos com um número relativamente pequeno de medições (Cornacchia et al., 1995), indicando que haverá pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medidas (Falconer, 1987). No entanto, quando a repetibilidade é baixa, grande número de repetições será necessário para que se alcance um valor de determinação satisfatório. Assim, o conhecimento do coeficiente de repetibilidade possibilita a

realização eficiente da fase de avaliação, minimizando o consumo de tempo e mão de obra.

Neste sentido, a herdabilidade e o coeficiente de repetibilidade tem sido utilizado em espécies perenes para melhorar a eficiência de seleção. Por exemplo, Dalla Bruna et al. (2012) estimaram os coeficientes de repetibilidade de caracteres relacionados à produtividade do pessegueiro, além de identificar e selecionar clones promissores para o Litoral Sul de Santa Catarina. Os autores encontraram considerável variabilidade genética em todos os caracteres, com estimativas de coeficientes de repetibilidade (r) variando de média a alta magnitude (0,54 a 0,74) para o caráter massa média dos frutos (MMF) e de baixa a média magnitude (0,22 a 0,39) para o caráter produção de frutos/planta (PTF). Os clones 1770 e 1443 apresentaram bom desempenho na média de todos os locais, enquanto os clones 0470 e 1307 se destacaram no local 1, o clone 1444 no local 2, os clones 0740 e 0926 no local 3 e o clone 1770 nos locais 1 e 2 de avaliação.

Pereira et al. (2013) realizaram um estudo com o objetivo de verificar a eficiência da seleção de cafeeiros em geração F4 para características agrônômicas e resistência a doenças mediante o emprego da metodologia de modelos mistos. Os resultados mostraram que a adoção de quatro colheitas pode elevar a acurácia a 80% na seleção de indivíduos para as características de produção, reação à ferrugem e vigor vegetativo. Além disso, a seleção das 12 melhores progênies para caracteres múltiplos, utilizando o índice de Mulamba e Mock, proporcionaria um ganho médio de 70,4%.

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

Com a goiabeira, Quintal et al. (2017) conduziram um estudo com o objetivo de analisar estrutura de covariância e estimativas de repetibilidade das variáveis relacionadas à produtividade, como massa dos frutos (MF), número de frutos (NF) e produção de frutos (PROD) de três safras, em 95 genótipos de uma população

segregante. Os valores dos coeficientes de repetibilidade obtidos para PF (0,25), NF (0,14) e PROD (0,29) foram considerados baixos, indicando que para a população em estudo as três safras realizadas não foram suficientes para selecionar os melhores indivíduos com maior acurácia. Para as variáveis PF e PROD, a partir de cinco medições seria possível a obtenção de estimativas de acurácias em torno de 0,50. Enquanto para a variável NF, observou-se que mais safras seriam necessárias. Estes valores indicam que em populações segregantes de goiabeira, avaliações nas primeiras safras, não são suficientes para seleção de genótipos mais estáveis para as variáveis consideradas neste estudo.

Em outro estudo realizado com a goiabeira, Paiva et al. (2019) estimaram qual número de colheita necessário para selecionar os genótipos produtivos, com boa adaptabilidade e estabilidade, para características relacionadas à produção via modelos mistos. Nos resultados, os autores verificaram que cinco medidas previstas do mesmo indivíduo foram suficientes para a seleção de genótipos promissores de goiaba nos estágios iniciais do programa de melhoramento. O ganho genético previsto para os 30 melhores indivíduos foi superior ao alcançado com a progênie.

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Área de estudo

O experimento foi conduzido na estação experimental da Ilha Barra do Pomba, pertencente à UENF em Itaocara-RJ. O município de Itaocara está localizado na região Noroeste do estado do Rio de Janeiro, com as seguintes coordenadas geográficas: latitude 21°38'40.5" S; longitude 42°06'26.4" O e altitude de 145 m, apresenta característica climática do tipo Aw, com temperatura média anual em torno de 22°C e precipitação média anual de 1297 mm, fazendo parte da Bacia do Rio Paraíba do Sul (Alvares et al., 2013).

3.2.3.2 Origem das 18 famílias endogâmicas S₁

As 18 famílias avaliadas neste estudo foram originadas de populações desenvolvidas por Pessanha et al. (2011) por meio de um trabalho de pré-melhoramento, resultando em 17 famílias segregantes. Posteriormente, essa população segregante, caracterizada por uma ampla variabilidade genética, foi submetida a avaliação e seleção utilizando REML/BLUP por Quintal et al. (2017).

Durante esse processo, as progênies mais produtivas foram escolhidas e autofecundadas, dando origem às 18 famílias endogâmicas que compõem o presente experimento, conforme informações apresentadas na Tabela 1. As sementes provenientes dos frutos resultantes da autofecundação foram semeadas em tubetes, com três sementes por tubete, e mantidas em estufa.

Tabela 1. Genealogia das 18 famílias S₁ de *P. guajava* (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, 2024)

¹ Genitores (S ₁)	Famílias originadas (S ₁)
F17/G5/B1	Família 1
F7/G9/B1	Família 2
F13/G3/B1	Família 3
F4/G6/B1	Família 4
F5/G8/B1	Família 5
F4/G5/B2	Família 6
F13/G4/B1	Família 7
F5/G10/B1	Família 8
F3/G7/B1	Família 9
F10/G5/B1	Família 10
F5/G4/B1	Família 11
F2/G6/B2	Família 12
F8/G4/B1	Família 13
F5/G9/B1	Família 14
F3/G11/B1	Família 15
F3/G5/B1	Família 16
F4/G9/B1	Família 17
F4/G8/P1	Família 18
Total	540 genótipos

¹Genitores das plantas S₁. F/G/B: se refere aos genótipos selecionados dentro de cada família e bloco, os quais foram posteriormente autofecundados para originar os genótipos S₁.

3.2.3.3 Delineamento experimental

As 18 famílias S₁ foram plantadas em julho de 2014 em um delineamento em blocos casualizados, com três repetições, 10 plantas por parcela, totalizando

540 plantas, com avaliações individuais das plantas. O espaçamento utilizado foi de 1,5 metros entre plantas e 5,0 metros entre linhas.

3.2.3.4 Tratos culturais

As práticas de calagem, plantio e adubação de cobertura seguiram as recomendações baseadas na análise do solo, conforme orientações de Costa e Costa (2014). Outros tratos culturais, como adubação, podas de brotações, condução da planta e manejo de pragas e doenças estão sendo realizadas durante a condução do experimento conforme o sugerido para a cultura.

3.2.3.5 Características avaliadas

As observações foram conduzidas em nível individual para cada uma das quatro colheitas, nas quais foram avaliadas as seguintes características morfoagronômicas (Campos et al., 2013):

- I. Número de frutos por planta (NF), contado desde o início da frutificação até o final do período de colheita em cada indivíduo;
- II. Massa dos frutos (MF), calculada amostrando cinco frutos por planta em uma balança analítica, fornecendo resultados em gramas; e
- III. Produção total de frutos (PTF), determinada multiplicando o número total de frutos pelo peso dos frutos e expressa em gramas.

3.2.3.6 Análise via modelos mistos

Para as características de massa do fruto, número de frutos e produção total de frutos, avaliadas em quatro colheitas, foram conduzidas análises de deviance, estimativas de parâmetros genéticos e predições de ganhos, além da análise de repetibilidade de genótipos.

De acordo com o modelo descrito por Viana e Resende (2014), a análise de deviance foi realizada da seguinte forma:

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

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

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

Para testar a significância dos efeitos, foi utilizado o teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança)

:

$$LRT: | - 2\ln(Lse) + 2\ln(Lfm)$$

Em que Lse = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e Lfm = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

Para a abordagem REML/BLUP, bem como para a repetibilidade, foi adotado neste estudo o Modelo 171, proposto por Resende (2016). Este modelo ajusta os efeitos genéticos aditivos, de parcela, permanentes de indivíduos, da interação famílias x colheitas e de blocos incompletos, com medidas repetidas. A predição dos valores genéticos foi realizada utilizando a abordagem dos modelos mistos, adotando um modelo de acordo com a equação descrita abaixo:

$$y = X_m + Z_a + W_p + Q_i + T_s + e$$

Em que y é o vetor de dados; m é o vetor dos efeitos das combinações medição repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios); i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios); s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos individuais; W é a matriz de incidência dos efeitos de parcela; Q é a matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos x medições; T é a matriz de incidência dos efeitos permanentes. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta, simultaneamente, para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições.

Dessa forma, foram estimados os seguintes componentes de variância e parâmetros genéticos (REML Individual):

σ^2_{at} : variância aditiva total, σ^2_{parc} : variância entre parcelas, σ^2_{perm} : variância dos efeitos permanentes, σ^2_{int} : variância da interação genótipos x colheitas, σ^2_{bloc} : variância entre blocos, σ^2_e : variância residual, σ^2_f : variância fenotípica, h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, com somente a variação, entre progênie no numerador, h^2_{ad} : herdabilidade aditiva individual dentro de progênie, h^2_{atc} : herdabilidade individual total no sentido restrito, ajustada para os efeitos do modelo, C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela, C^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanente, C^2_{int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x colheitas, C^2_{bloc} : coeficiente de determinação dos efeitos de bloco, $rgmed$: correlação genotípica entre o desempenho das progênie nas duas safras.

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

$$\rho = \frac{\sigma^2_g + \sigma^2_{perm}}{\sigma^2_p}$$

Em que: σ^2_g é a variância genética aditiva, σ^2_{perm} é a variância dos efeitos permanentes, e a σ^2_p é a variância fenotípica.

Utilizou-se o software SELEGEN para realizar as análises de REML/BLUP, estimar os parâmetros genéticos, prever os ganhos genéticos e conduzir a análise de repetibilidade de genótipos (Resende, 2016). Com base nos valores genotípicos obtidos, os indivíduos foram classificados em um ranking. A partir desses valores, foi feita a seleção das melhores famílias para cada característica ao longo dos quatro anos de avaliação.

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1 Avaliação genético-estatística via modelos mistos

A significância dos efeitos genotípicos estimados foi avaliada por meio da análise de deviance (Tabela 2). Foram detectadas diferenças significativas entre os

indivíduos, com 1% de probabilidade para as características NF e PTF e 5% para MF. Estes resultados evidenciam a presença de variabilidade genética entre os indivíduos, indicando alta segregação dentro das famílias. A presença de variabilidade genética nas famílias endogâmicas pode ser explicada pelo fato de essas populações serem provenientes da primeira geração de autofecundação (S_1), na qual ocorre um aumento de 50% na homozigose e uma diminuição de 50% na heterozigose na prole, não reduzindo totalmente a variabilidade genética entre os indivíduos. Isso indica a possibilidade de seleção de indivíduos promissores em famílias endogâmicas S_1 e, conseqüentemente, a obtenção de ganhos genéticos nesta população para as características em estudo.

Para as características peso de frutos e número de frutos foram observados efeitos significativos de parcela a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, revelando que existe uma variação ambiental dentro das parcelas e que a seleção individual deve ser feita para as características, considerando os melhores indivíduos, com base em informações do seu valor genético, independente da família a que pertence.

Tabela 2. Análise de deviance para massa dos frutos (MF), número de frutos (NF) e produtividade total (PTF) em famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliada em quatro safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, 2024)

Efeitos	MF (g)		NF		PTF (kg)	
	Deviance	LRT(X^2)	Deviance	LRT(X^2)	Deviance	LRT(X^2)
Indivíduos ¹	20884,65	5,47*	15517,69	33,42**	37250,62	33,7**
Parcela ¹	20895,73	16,55**	15489,27	5,00*	37220,46	3,5 ^{ns}
Mod. completo	20879,18		15484,27		37216,92	

¹ Deviance de modelo ajustado. ns: não significativo, **: Significativo a 1% * Significativo a 5 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(X^2): teste de razão de verossimilhança.

Os resultados dos componentes de variância indicam que a variância fenotípica foi decomposta em: σ^2_{at} : variância aditiva total, σ^2_{parc} : variância entre parcelas, σ^2_{perm} : variância dos efeitos permanentes, σ^2_{int} : variância da interação genótipos x colheitas, σ^2_{bloc} : variância entre blocos, σ^2_e : variância residual, σ^2_f : variância fenotípica (Tabela 3).

A contribuição da variância genética aditiva (σ^2_{at}) para as características peso dos frutos (12,42%), número de frutos (11,49%) e produção total de frutos

(8,81%) foi considerada baixa, com predominância dos efeitos ambientais, especialmente os efeitos residuais. Essa constatação sugere uma consistência na influência dos fatores não genéticos ao longo das quatro safras, particularmente as condições ambientais específicas de cada ano de colheita. O predomínio dos efeitos ambientais pode ser atribuído à natureza dos caracteres avaliados neste estudo. De acordo com Almeida (2017), grande parte deles é quantitativa, controlada por genes de pequeno efeito, nos quais o ambiente tende a exercer maior influência na expressão fenotípica.

Outra explicação para a redução da variação genética aditiva é o fato de as populações endogâmicas S_1 serem obtidas por autofecundação, resultando em um aumento de 50% na homozigose nos indivíduos. Isso aumenta a semelhança entre os indivíduos, sendo uma alternativa viável para obter frutos homogêneos em pomares comerciais de goiaba, com conseqüente fixação alélica (Falconer, 1981; Falconer e Mackay, 1996).

Em relação à herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_{atc}), foram observados valores de baixa magnitude para o número total de frutos (0,14) e de média magnitude para o peso dos frutos (0,15) e o número de frutos (0,19). Essas estimativas sugerem um ganho de seleção de baixo a médio para essas características, indicando que, por meio de autofecundações, essas características podem ser transmitidas de uma geração para outra. No entanto, considerando que este estudo avaliou quatro colheitas, seria essencial aumentar o número de colheitas avaliadas para obter estimativas mais fidedignas.

A herdabilidade de baixa e moderada magnitude também foram encontradas em outros estudos com espécies perenes como o café (0,07%) (Pereira et al., 2013), pupunha (0,11%) (Borges et al., 2017), açaí (0,26%) (Farias Neto et al., 2008), cupuaçu (0,23%) (Maia et al., 2011), e pessegueiro (0,30%) (Citadin et al., 2003). É importante destacar que valores de herdabilidade de baixa magnitude são esperados em estudos envolvendo características quantitativas de espécies perenes (Resende, 2009), devido à suscetibilidade dessas plantas às variações climáticas anuais.

Ao considerar a herdabilidade com base na média das parcelas (h^2_a) observam-se valores de média magnitude para peso de fruto (0,31) e produção total de frutos (0,30), e de alta magnitude para o número de frutos (0,54) (Tabela 2). A alta herdabilidade encontrada é um resultado esperado, uma vez que os efeitos

ambientais (residuais) são minimizados ao serem divididos pela média das parcelas, fazendo com que os valores fenotípicos se aproximem dos valores genotípicos.

Os coeficientes de determinação de parcela (C^2_{parc}), dos efeitos da interação progênies x colheitas (C^2_{int}) e dos efeitos de bloco (C^2_{bloc}) foram de baixa magnitude, com valores variando de 0 a 9% para os três caracteres. Tais valores, encontram-se dentro do intervalo esperado conforme Resende (2002), que estabelece que variações de até 10% não interferem significativamente na estimativa dos parâmetros genéticos. Portanto, esses resultados indicam que as estimativas são robustas e confiáveis.

Os valores de baixa magnitude encontrados para os coeficientes de determinação evidenciam que, no caso dos coeficientes de determinação de parcela (C^2_{par}), uma pequena variação ambiental foi observada entre parcelas dentro dos blocos, indicando a eficiência da utilização das parcelas e dos blocos. Além disso, o conhecimento deste coeficiente permite ao melhorista inferir sobre a qualidade experimental (Silva, 2015; Miranda et al., 2015), quanto maior for esse coeficiente, maior será a variação ambiental (Pimentel et al., 2014). Já o coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x colheitas (C^2_{int}) sugerem uma baixa variação dos caracteres nas progênies de uma safra para outra.

Tabela 3. Componentes de variância obtidos pelo REML individual para peso do fruto (PF), número de frutos por planta (NF) e produção total de frutos (PTF) de famílias endogâmicas de *P. guajava* avaliadas em quatro safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, 2024)

Parâmetros genéticos ¹	PF (g)	%	NF	%	PTF (kg)	%
σ^2_{at}	837,40	12,42	77,22	11,49	1336,10	8,81
σ^2_{parc}	146,63	2,18	61,76	9,19	1364,22	8,99
σ^2_{perm}	819,29	12,13	178.11	26,52	3712741,66	24,46
σ^2_{int}	178,31	2,64	41,39	6,17	908260,75	5,99
σ^2_{bloc}	109,99	1,63	4.46	0,66	18899,12	0,12
σ^2_e	4928,99	73,11	334,34	49,78	8278209,82	54,56
σ^2_f	6741,50		671,56		15173074,70	
h^2_a	0,31		0,54		0,30	
h^2_{atc}	0,15		0,19		0,14	
C ² parc	0,02		0,09		0,08	
C ² perm	0,12		0,26		0,24	
C ² int	0,03		0,06		0,05	
C ² bloc	0,02		0,00		0,00	
r	0,24		0,44		0,40	
Rgmed	0,76		0,55		0,49	
Média geral	114,25		23,06		3327,78	

¹ σ^2_{at} : variância aditiva total, σ^2_{parc} : variância entre parcelas, σ^2_{perm} : variância dos efeitos permanentes, σ^2_{int} : variância da interação genótipos x colheitas, σ^2_{bloc} : variância entre blocos, σ^2_e : variância residual, σ^2_f : variância fenotípica, h^2_a : herdabilidade com base na média das parcelas, h^2_{atc} : herdabilidade individual total no sentido restrito, ajustada para os efeitos do modelo, C²parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela, C²perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanente, C²int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x colheitas, C²bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco, Rgmed: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nas quatro safras, e r: coeficiente de repetibilidade individual.

As correlações genéticas entre medições (R_{gmed}) apresentaram o maior valor para a característica de peso de frutos (0,76), seguido pelo número de frutos (0,55) e pela produção total de frutos (0,49). Valores elevados de R_{gmed} indicam uma alta relação genética entre as medições, sugerindo que os genótipos mantêm um desempenho consistente ao longo das diferentes safras. Além disso, um alto R_{gmed} evidencia que o genótipo superior tende a conservar seu desempenho elevado em todas as safras avaliadas.

Em relação ao coeficiente de repetibilidade baseado nas quatro medições, observa-se que os valores foram de baixa magnitude (0,22) para peso de frutos, e de média magnitude (0,44 e 0,40) para número de frutos e peso total de frutos, respectivamente (Tabela 2). De acordo com Resende (2009), as estimativas de coeficiente de repetibilidade (r) são classificadas como baixas quando $r \leq 0,30$, médias quando $0,30 < r < 0,60$, e altas quando $r \geq 0,60$. Nesse sentido, quanto maior a estimativa da repetibilidade do caráter, mais possível se torna prever o valor real do indivíduo com um número relativamente pequeno de medições (Cornacchia et al., 1995), havendo pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medições repetidas (Falconer, 1987). Entretanto, quando a repetibilidade é baixa, será necessário um grande número de repetições para alcançar um valor de determinação satisfatório (Costa, 2003).

Neste contexto, uma das finalidades do coeficiente de repetibilidade é justamente determinar quantas observações fenotípicas devem ser realizadas em cada indivíduo, a fim de otimizar a seleção dos genótipos, reduzindo o custo e a mão de obra (Cruz et al., 2012). Neste estudo, as características número de frutos e produção total de frutos apresentaram repetibilidade média, indicando que quatro avaliações são suficientes para a seleção de indivíduos superiores. Em contraste, o peso de frutos apresentou baixa repetibilidade, sugerindo a necessidade de um maior número de avaliações para alcançar resultados mais confiáveis.

No contexto do melhoramento genético, uma das principais dificuldades nos programas de avaliação e seleção é determinar o número adequado de avaliações (ou épocas de colheita) necessárias para estimar com precisão as diferenças entre os genótipos. Almeida (2017) destaca que em culturas perenes, como é o caso da goiabeira, múltiplas avaliações são essenciais, especialmente para caracteres relacionados à produtividade, a fim de garantir uma seleção segura e eficaz dos genótipos. Por outro lado, Laviola et al. (2012) complementam que,

após o quarto ano de colheita, as plantas perenes tendem a alcançar uma estabilidade de produção satisfatória, o que possibilita uma seleção mais precisa e confiável.

Considerando os resultados obtidos, recomenda-se que as características com repetibilidade de magnitude moderada (número de frutos e produção total de frutos) sejam consideradas na seleção de indivíduos superiores. No caso do peso de frutos, que apresentou baixa repetibilidade, recomenda-se realizar mais medições para obter maior confiabilidade nos resultados.

3.2.4.2 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual)

Para fins de seleção, dos 540 indivíduos avaliados, foram escolhidos os 30 melhores indivíduos em cada uma das características analisadas individualmente (Tabela 4). No que diz respeito à seleção dos genótipos para as características avaliadas, observaram-se ganhos significativos em cada característica, das estimativas dos BLUPs individuais.

No que se refere à seleção de genótipos para as características agrônômicas avaliadas, foi possível obter ganhos relevantes na seleção para alguns caracteres via estimativas dos BLUPs individuais. Em nível de indivíduo, o número de frutos apresentou os maiores ganhos genéticos, oscilando entre 46,93% e 65,95%, seguido pela produção total de frutos, com ganhos que variaram de 36,56% a 55,32%. Por último, a característica peso dos frutos registrou um ganho de 35,17% a 43,15%. Assim, ao selecionar com base na característica número de frutos, é possível obter sucesso na seleção devido à sua relação com a produção. Além disso, é importante destacar que essa característica apresentou os maiores valores de estimativas de herdabilidade e coeficiente de repetibilidade, o que pode explicar os maiores ganhos genéticos.

Tabela 4. Estimativas de ganho genético considerando os 30 melhores indivíduos para as características massa do fruto, número de frutos e produção total de frutos das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliadas em quatro safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2024)

Ordem	Massa do fruto (g)				Número de frutos				Produção total de frutos (kg)			
	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)
1	366	1	163,55	43,15	349	17	38,27	65,95	366	1	5168,92	55,32
2	367	1	163,05	42,71	294	12	37,78	63,83	294	12	5128,56	54,11
3	185	1	162,47	42,21	350	17	37,13	61,01	471	12	5048,25	51,70
4	56	6	161,79	41,62	115	12	36,75	59,36	37	4	4971,34	49,39
5	184	1	160,84	40,78	40	4	36,40	57,84	476	12	4915,36	47,71
6	370	1	160,05	40,08	252	8	36,16	56,80	116	12	4864,80	46,19
7	181	1	159,46	39,57	167	17	35,97	55,98	447	9	4827,70	45,07
8	6	1	159,02	39,18	347	17	35,73	54,94	57	6	4797,85	44,18
9	9	1	158,67	38,88	37	4	35,54	54,11	239	6	4773,47	43,44
10	4	1	158,29	38,55	476	12	35,38	53,42	420	6	4753,73	42,85
11	53	6	157,98	38,28	116	12	35,25	52,86	349	17	4736,92	42,34
12	57	6	157,72	38,04	162	17	35,15	52,43	56	6	4721,48	41,86
13	235	6	157,47	37,82	117	12	35,05	51,97	415	6	4708,27	41,45
14	51	6	157,19	37,58	168	17	34,94	51,54	252	8	4695,55	41,05
15	183	1	156,95	37,37	292	12	34,85	51,15	115	12	4681,65	40,65
16	182	1	156,73	37,18	80	8	34,75	50,71	117	12	4669,43	40,26
17	420	6	156,53	37,0	526	17	34,67	50,29	60	6	4658,17	39,96
18	52	6	156,35	36,84	471	12	34,59	49,97	445	9	4647,81	39,58
19	236	6	156,17	36,69	525	17	34,52	49,66	51	6	4638,08	39,31
20	7	1	155,99	36,54	39	4	34,46	49,37	80	8	4627,19	39,03
21	363	1	155,83	36,39	165	17	34,4	49,11	235	6	4617,33	38,76
22	412	6	155,67	36,25	163	17	34,35	48,87	112	12	4607,99	38,45
23	362	1	155,52	36,11	343	17	34,29	48,63	120	12	4599,01	38,18
24	237	6	155,36	35,97	434	8	34,23	48,39	113	12	4590,76	37,92
25	188	1	155,21	35,84	348	17	34,18	48,18	300	12	4583,07	37,68

Tabela 4. Cont.

Ordem	Massa do fruto (g)				Número de frutos				Produção total de frutos (kg)			
	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)	Genótipos	Família	Nova média	Ganho (%)
26	415	6	155,07	35,71	530	17	34,12	47,88	350	17	4575,67	37,45
27	232	6	154,91	35,58	300	12	34,07	47,62	253	8	4568,56	37,22
28	411	6	154,76	35,44	113	12	34,01	47,39	291	12	4561,88	36,99
29	361	1	154,62	35,31	253	8	33,96	47,16	184	1	4555,18	36,77
30	187	1	154,45	35,17	299	12	33,91	46,93	347	17	4548,78	36,56
*M.O.			114,25				23,06				3327,78	
*M.S			193,07				64,11				9942,91	

*M.O: Média original: foi obtida dos indivíduos das 18 famílias; *M.S: Média dos selecionadas: foi obtida dos 30 melhores indivíduos; para as características massa do fruto, número de frutos por planta e produção total de frutos.

Os indivíduos que apresentaram melhor desempenho para as características foram: 366, 367, 185 e 56 para peso de frutos, os genótipos 366, 294 e 471 para produção total de frutos, e o genótipo 349, 350 e 294 para número de frutos (Tabela 4). Houve concordância na escolha do indivíduo 294 como o mais produtivo para os caracteres número total de frutos e produção total de frutos. Da mesma forma, o indivíduo 366 foi escolhido de forma concordante para peso de frutos e produção total de frutos. Os melhores genótipos selecionados neste estudo têm potencial para serem utilizados como genitores em programas de melhoramento para gerar uma nova geração com famílias endogâmicas, além de serem clonados para o desenvolvimento de uma nova cultivar de goiabeira (Pinto et al., 2005).

Neste estudo, foram estimadas a média original para os 540 indivíduos e as médias dos 30 melhores indivíduos (média dos selecionados), conforme apresentado na Tabela 4. Observou-se que todas as características avaliadas apresentaram ganhos superiores na média dos selecionados em relação à média original. Esses resultados indicam que a seleção dos 30 indivíduos superiores evidencia o alto potencial da população, demonstrando que esses indivíduos são portadores de alelos favoráveis para um bom desempenho agrônômico. Esses indivíduos destacam-se como promissores genitores em novas autofecundações, visando à obtenção de progênies para compor a próxima etapa do programa de melhoramento de famílias endogâmicas. Além disso, há a possibilidade de serem clonados, o que contribuiria para o lançamento de uma nova cultivar de goiabeira.

Em termos de avaliação por famílias, observou-se que as novas médias dos indivíduos também superaram a média geral da população (Tabela 5), destacando-se o número de frutos como a característica com os maiores ganhos genéticos. Esses ganhos variaram de 13,47% a 39,47%, com notável desempenho das famílias 4, 8, 12 e 17. No que diz respeito à produção total de frutos, o ganho variou de 12,34% a 29,94%, com destaque para as famílias mais produtivas, nomeadamente as famílias 6, 8, 12 e 17. Quanto à massa de frutos, observou-se um ganho de 11,82% a 31,93%, com as famílias 1, 6, 7 e 8 demonstrando superioridade em termos de produção. A família 8 foi a mais produtiva, demonstrando alto desempenho para os três caracteres avaliados.

Ao comparar os ganhos genéticos (%) obtidos por indivíduo e por família, observou-se que os ganhos individuais superaram os ganhos por família. Este fenômeno pode ser atribuído à elevada variabilidade intra-familiar, como demonstrado em S_1 , onde se identificaram indivíduos com desempenhos excepcionais e outros com desempenhos inferiores. Assim, a seleção baseada em indivíduos apresenta maior eficiência do que a seleção por família, devido à ampla variabilidade observada dentro das famílias. Recomenda-se, portanto, priorizar a seleção dos indivíduos com as melhores características fenotípicas, uma vez que essa abordagem otimiza o progresso genético, independentemente da *performance* média da família.

Nesse contexto de melhoramento genético, a escolha do método de seleção ideal é crucial para garantir ganhos satisfatórios nas características em questão. A adoção de critérios de seleção que preveem os ganhos genéticos permite direcionar de forma eficaz os programas de melhoramento e determinar a estratégia seletiva mais adequada (Cruz et al., 2012). Assim, além de identificar as famílias mais promissoras, é possível selecionar os melhores indivíduos dentro dessas famílias, maximizando o progresso genético.

Tabela 5. Seleção das melhores famílias para as características massa do fruto, número de frutos por planta (NF) e produção total de frutos (PTF) das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliadas em quatro safras (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2024)

Ordem	Massa do fruto (g)			Número de frutos			Produção total de frutos (kg)		
	Famílias	Nova média	Ganho (%)	Famílias	Nova média	Ganho (%)	Famílias	Nova média	Ganho (%)
1	1	150,74	31,93	17	32,16	39,47	12	4324,71	29,94
2	6	149,11	30,51	12	31,98	38,67	6	4279,06	28,58
3	8	143,47	25,57	8	31,37	36,02	17	4216,31	26,70
4	7	140,49	22,97	4	30,68	33,04	8	4177,28	25,54
5	10	138,28	21,03	9	30,12	30,56	1	4148,97	24,68
6	4	136,62	19,58	6	29,61	28,37	9	4126,04	23,98
7	9	134,96	18,12	1	29,09	26,10	4	4090,13	22,91
8	12	133,68	17,00	7	28,20	22,29	7	4004,45	20,33
9	17	132,14	15,66	5	27,46	19,08	10	3900,41	17,21
10	15	130,27	14,02	15	26,81	16,25	15	3814,45	14,62
11	11	127,76	11,82	18	26,17	13,47	5	3738,21	12,34

3.2.5 CONCLUSÕES

Os valores de repetibilidade moderada para as características número de frutos e produção total de frutos indicam que o desempenho dos genótipos é consistente entre as medições, permitindo a realização de apenas quatro avaliações para uma seleção confiável dos genótipos superiores. Em contraste, a baixa repetibilidade observada para o peso de frutos sugere a necessidade de um maior número de avaliações para assegurar resultados mais confiáveis.

Os ganhos genéticos significativos observados nas três características estudadas nas famílias analisadas demonstram que o melhoramento genético da goiabeira, por meio de famílias endogâmicas, é uma estratégia viável na seleção dos melhores indivíduos e famílias.

As famílias 1, 4, 6, 7, 8, 9, 12 e 17 destacaram-se como principais contribuintes para os genótipos selecionados nas características avaliadas, ressaltando o notável potencial dessas famílias em produzir genótipos produtivos.

Os indivíduos 185, 366 e 367 (família 1), 294 e 471 (família 12), 349 e 350 (família 17) se destacaram como os mais produtivos em todos os caracteres avaliados. Assim, esses indivíduos têm potencial para serem utilizados como genitores para obter uma nova geração por meio da autofecundação, dando continuidade ao programa de melhoramento, bem como para serem clonados, visando ao lançamento de uma nova cultivar de goiabeira.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida, C. L. P. De (2017). *Índices multivariados e BLUP multisafras na seleção de genótipos de goiabeira*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF Campos Dos Goytacazes, RJ. 86p.
- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.S.; Moraes, J.L.M., Sparovek, G (2013) Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22: 711–728.
- Alves, J.E., Freitas, B.M (2007) Requerimento de polinização da goiabeira. *Ciência Rural, Santa Maria*, 37: 1281-1286.
- Amaral Júnior, A.T., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Barbosa, C.D. (2010) *Procedimentos Multivariados em Recursos genéticos vegetais*. In: Pereira, T.N.S. (ed.). *Germoplasma: 'Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Viçosa, MG, 205- 254.
- Ambrósio, M. (2020). *Parecência genética e superioridade genotípica de famílias S₁ de Psidium guajava via modelos mistos aplicada a seleção truncada e simultânea*. Tese, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF -Campos dos Goytacazes, RJ, 120p.

- Ambrósio, M., Pio Viana, A., Pureza Da Cruz, D., Da Costa Preisigke, S., Ramos Cavalcante, N., Herênio Gonçalves Júnior, D., Pequeno De Souza, Y (2022). Categories of variables in analysis of genetic diversity in S₁ progenies of *Psidium guajava*. *Scientific Reports*, 2: 22367. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-26950-0>
- Ambrósio, M., Viana, A.P., Ribeiro, R. M., Preisigke, S. C., Cavacante, N. R., Silva, F. S., Torres, G. X.; Souza, C. M. B (2021) Genotypic superiority of *Psidium Guajava* S₁ families using mixed modeling for truncated and simultaneous selection. *Sci. Agric*, 78: 1-9.
- Atroch, A. L.; Nascimento Filho, F. J. Do; Resende, M. D. V. De; Lopes, R.; Clement, C. R (2010). Avaliação e seleção de progênies de meios-irmãos de guaranazeiro. *Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 53: 123-130.
- Azevedo, V. R., Wadt, L. H. D. O., Pedrozo, C. A., Fonseca, F. L. D., & Resende, M. D. V. D. (2020). Coeficiente de repetibilidade para produção de frutos e seleção de matrizes de *Bertholletia excelsa* (Bonpl.) em castanhais nativos do estado do Acre. *Ciência Florestal*, 30: 135-144.
- Bertan, I., de Carvalho, F. I. F., de Oliveira, A. C., Vieira, E. A., Hartwig, I., da Silva, J. A. G., Ribeiro, G (2006). Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Current Agricultural Science And Technology*, 12: 279-286.
- Bezerra, C. M., Ribeiro, R. M., Viana, A. P., Ramos, N. C., Silva, F. A., Ambrósio, M., Junior, A. T. A. (2021) Guava breeding via full-sib family selection: conducting selection cycle and divergence between parents and families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20: 1-9.
- Bohry, D., Berilli, A. P. C. G., da Silva Berilli, S., de Almeida, R. F., Zooca, A. A. F (2019). Characterization and genetic divergence of araçá-boi based on physicochemical and colorimetric traits of fruits. *Revista de Ciências Agrárias*, 62: rca.2019.3004.

- Borges, C. V., Ferreira, F. M., de Souza, V. F., Atroch, A. L., Rocha, R. B. (2017). Seleção entre e dentro de progênies para a produção de frutos de pupunha. *Revista Ciências Agrárias.*, 60:177-184.
- Borém, A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2021) *Melhoramento de plantas*. 8 ed. São Paulo, Oficina de textos, 384p.
- Bruna, D.E., Moreto, A.L., Dalbó, M.A. (2012) Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34: 206- 215.
- Campos, B. M., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Gonçalves, L. S. A., Pessanha, P. G. O. (2013). Quantificação da divergência genética entre acessos de goiabeira por meio da estratégia Ward-MLM. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35: 571-578.
- Castro, J. D. C., & Ribeiro, J. (2020). *Pesquisa e desenvolvimento para a cultura da goiabeira: a contribuição da Embrapa Semiárido*. 82p.
- Charlesworth, W. R., & Charlesworth, D. (1987). Gender comparisons of preschoolers' behavior and resource utilization in group problem solving. *Child Development*, 58: 191–200. DOI: <https://doi.org/10.2307/1130301>
- Citadin, I., Raseira, M. D. C. B., Quezada, A. C., & Silva, J. B. D. (2003). Herdabilidade da necessidade de calor para a antese e brotação em pessegueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25, 119-123.
- Colombari Filho, J. M. (2009). *Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja* (Tese de doutorado, Universidade de São Paulo), 980p.
- Cornacchia, G.; Cruz, C. D.; Lobo, P. R.; Pires, I. E (1995). Estimativas do coeficiente de repetibilidade para características fenotípicas de procedências de *Pinus tecunumanii* (Schw.) Eguiluz, Perry e *Pinus caribaea* var. hondurensis Barret, Golfari. *Revista Árvore*, 19: 333-345.
- Costa, A., Costa, A. N (2014). *Tecnologias para produção de goiaba*. 2. ed. Vitória, ES: Incaper, 341 p.

- Costa, J. G. D. (2003) Estimativas de repetibilidade de alguns caracteres de produção em mangueira. *Ciência Rural*, 33: 263-266.
- Cruz, C. D. (2005). *Princípios de genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 394 p.
- Cruz, C. D. Regazzi, A. J., Carneiro, P.C.S (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 508p.
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S (2006) *Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 585p.
- Cruz, C. D.; Ferreira, F. M.; Pessoni, L. A (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco: Suprema. 620p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J (2001) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. UFV, 2001. 390p.
- Cruz, C., D (2016). Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy*, 38: 547-552. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 508p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J (1994). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: UFV, 390p.
- Dancey, C. Reidy, J (2018). *Estatística Sem Matemática para Psicologia 7*. 3. ed. Porto Alegre: Artmed.,. 530 p.
- Danner, M. A., Raseira, M. D. C. B., Sasso, S. A. Z., Citadin, I., & Scariot, S. (2010). Repetibilidade de caracteres de fruto em araçazeiro e pitangueira. *Ciência Rural*, 40:2086-2091.
- Estopa, R. A., Ramalho, M. A. P., Rezende, G. D. S. P., Abad, J. I. M., Gonçalves, F. M. A (2007). Desempenho dos descendentes de clones de *Eucalyptus* spp. Autofecundados e cruzados. *Cerne*, 13: 264-270.
- Falconer, D.S. (1981) *Introduction to Quantitative Genetics*. 2nd Edition, Longman Group Ltd., London, p. 1-133.

- Falconer, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa MG: UFV, 1987. 279p
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 464p.
- Farias Neto, J.T., Resende, M.D.V., Oliveira, M.S.P., Nogueira, O.L., Falcão, P.N. B., Santos, N. S. A. (2008). Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30: 1051-1056.
- Fernandes, A. G. (2007) *Alterações das características químicas e físico-químicas do suco de goiaba (Psidium guajava L.) durante o processamento*. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Programa de Pós-Graduação em Tecnologia de Alimentos, Fortaleza. 86 p.
- Frankham, R., D. A. Briscoe, and J. D. Ballou. (2002). *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press, New York, New York, USA.
- Gardner, C. O.; Eberhart, S. A (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, 22: 439- 452.
- Dos Santos, T. G., Neto, J. L. P., da Silva Chaves, S. F., Alves, R. M., da Silva, A. B. M., Jose, A. R. M (2022) Caracterização da estrutura genética de uma população de cupuaçuzeiro coletada em floresta primária. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias/Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 17: e1592-e1592.
- Gomes Filho, A. (2009) *Divergência genética em acessos de goiabeiras (Psidium guajava L.) provenientes de Bom Jesus do Itabapoana – RJ*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF Campos Dos Goytacazes, RJ. 134p.
- Gomes, V. M., Ribeiro, R. M., Viana, A. P., De Souza, R. M., Santos, E. A., Rodrigues, D. L., De Almeida, O. F (2017). Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 148: 699-708. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-016-1128-y>
- Gonzaga Neto, L (2007). *Produção de goiaba*. Instituto Frutal, 64p.

- Gonzaga, N., Bezerra, L., Costa, J.E.F. E, Souza, R. (2003) Competição de genótipos de goiabeira (*Psidium guajava* L.) na região do submédio São Francisco; *Rev. Bras. Frutic.*, 25: 480-482.
- 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. *Genetics Research International*, 1:1-14. DOI: <https://doi.org/10.1155/2015/431487>
- Henderson, C. R. (1973) Sire evaluation and genetics trends. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush. *American Society of Animal Science* 3: 10-41.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2022). Produção agrícola municipal. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1613#resultado>. (Acesso em 12 de ago. de 2023).
- Lemma, A. F (1992). *Parâmetros que descrevem a posição ou a tendência central* In: lemma A. F. (Ed.). *Estatística descritiva*. Piracicaba: QOP Publicações. Cap. VI, p. 87-107.
- Khattree, R. & Naik, D.N (2000). *Multivariate data reduction and discrimination with SAS software*. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc.,. 558 p.
- Koller, O.C. (1979). *Cultura da goiabeira*. Porto Alegre: Livraria e Editora Agropecuária Ltda, 44p.
- Krause, W., Cavalcante, N. R., Viana, A. P., Ambrósio, M., Santos, E. A., Vieira, H. D (2017). Genetic variability in inbred guava families mediated by agronomic traits. *Functional Plant Breeding Journal*, 3:61-71. DOI: <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v3n2a5>
- Laviola, B. G.; Alves, A. A.; Gurgel, F. D.; Rosado, T. B.; Costa, R. D.; Rocha, R. B.; Bhering, L. L (2012). Estimate of genetic parameters and predicted genetic gains with early selection of physic nut families. *Ciência e Agrotecnologia*, 36: 163-170.
- Lopes R, Bruckner CH, Cruz CD, Lopes MTG & Freitas GB (2001) Repetibilidade de características do fruto de aceroleira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36:507-513.

- Lima, M.A.C., Assis, J.S., Neto, L.G (2003) Caracterização dos frutos de goiabeira e seleção de cultivares na região do submédio São Francisco; *Rev. Bras. Frutic*, 24:273-276.
- Mahalanobis, P. C (1936). On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Science of India*, 2: 49-55. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13171-019-00164-5>
- Maia, M. C. C., de Resende, M. D. V., de Oliveira, L. C., Alves, R. M., da Silva Filho, J. L., Rocha, M. D. M., Roncatto, G. (2011). Análise genética de famílias de meios-irmãos de cupuaçuzeiro. *Pesquisa florestal brasileira*, 31:123-130.
- Maitan, M. Q (2022). *Estimativa da depressão endogâmica em Psidium guajava via atributos de sementes utilizando famílias S₀, S₁ e S₂*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ. 92p.
- Manica, I., Icuma, I.M., Junqueira, N.T.V., Salvador, J.O., Moreira, A., Malavolta, E. (2000) *Fruticultura Tropical: Goiaba*. Porto Alegre: Cinco Continentes, 374p.
- MAPA - Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Tabela de descritores de goiabeira (*Psidium guajava* L.) (2023). Disponível em: http://www.in.gov.br/materia//asset_publisher/Kujrw0TZC2Mb/content/id/26173654/do1-2018-06-18-ato-n-5-754-de-14-de-junho-de-201826173582 (Acesso em: 10 de agosto de 2023).
- Medina, J. C. (1988) Goiaba I - cultura. In: Medina, J.C., Castro, J.V., Sigrist, J. M. M., Martin, Z. J., Kato, K, Maia, M. L., Lupez Garcla, A. E. B., Leite, R. S. S. F. (eds.) *Goiaba: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos*. 2.ed. revisada. e ampliada. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, ITAL, Frutas Tropicais, 6, p.01-119.
- Medina, J. C. (1988) Goiaba I: *Cultura*. In: Medina, J. C., Castro, J. V., Sigrist, J.M. M., Martin, Z. J., Kato, K, Maia, M. L., Lúpez García, A. E. B., Leite, R. S. S.F. (eds.) *Goiaba: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos*. 2. ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, p.01-119.

- Mendes, G. G. C., de Gusmão, M. T. A., Martins, T. G. V., Rosado, R. D. S., Sobrinho, R. S. A., Nunes, A. C. P., ... & Zanuncio, J. C. (2019). Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. *Scientific Reports*, 9:4943.
- Mesquita, J.C.P.; Rêgo, E. R.; Silva, A.R.; Neto, J.J.S.; Cavalcante, L.C.; Rêgo, M. M (2016). Multivariate analysis of the genetic divergence among populations of ornamental pepper (*Capsicum annuum* L.), *African Journal of Agricultural Research*, 11:4289-4194.
- Miranda, A. C.; Moraes, M. L. T; Silva, P. H. M.; Sebben, A. M (2015). Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies de polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Scientia Forestalis*, 43:203-209.
- Mojena R (1977). Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, 20: 359-363. DOI: <https://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>
- Mulato, B.M., Moller, M., Zucchi, M., Quecin, V., Pinheiro, J.B. (2010). Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45: 276-283.
- Nascimento, M. F.; Nascimento, N. F. F.; Rêgo, E. R., Bruckner, C. H., Finger, F. L.; Rêgo, M. M (2015). Genetic diversity in a structured family of six generations of ornamental chili peppers (*Capsicum annuum*). *Acta Horticulture*, 1087:395-401.
- Oliveira, I.O., Oliveira, L.C., Teixeira de Moura, C. S., Rosa, S. R (2012) Cultivo da goiabeira: do plantio ao manejo. *Revista Faculdade Montes Belos*, 5:138-156.
- Oliveira, M. G., Oliveira, J. G. D., Gomes Filho, A., Pereira, M. G., Viana, A. P., Souza Filho, G. A. D., Lopes, G. E. M (2009). Diversidade genética de aceroleiras (*Malphigia emarginata* DC), utilizando marcadores moleculares RAPD e características morfoagronômicas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31: 162-170. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452009000100023>

- Paiva, C. L.; Viana, A. P.; Santos, Eileen A.; Freitas, J. C. O.; Amaral Júnior, A. T. (2016) Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia*, 75: 418-427.
- Paiva, C.L. de.A., Viana, A.P., Santos, E.A, Quintal, S.S.R. (2019) Repetibility in guava: how many evaluations is necessary for selection the best guava tree?. *Functional Plant Breeding Journal*. 1: 51-60.
- Paiva, J. R.; Barros, L. M.; Crisóstomo, J. R.; Araújo, J. P. P.; Rossetti, A. G.; Cavalcanti, J. J. V. and Felipe, E. M. (1998). Depressão por endogamia em progênies de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) var. nanum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33:425-431.
- Paterniani, E (1978). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. São Paulo: Fund. Cargil, 650 p.
- Pereira, F. M. (1995) Cultura da goiabeira. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista. UNESP, FUNEP, 47p.
- Pereira, F. M., Kavati, R (2011). Contribution of Brazilian scientific research in developing some of subtropical fruit. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33: 92-108.
- Pereira, F. M., Nachigal, J. C. (2002) *Melhoramento da goiabeira*. In: Bruckner, C. H. (Ed.) Melhoramento de fruteiras tropicais. Viçosa: Editora UFV, p. 1-18.
- Pereira, M., Carvalho, C. A. Nachtigal, J. C. (2003) Século XXI: Nova Cultivar de Goiabeira de Dupla Finalidade. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25: 498-500.
- Pereira, T. B., Carvalho, J. P. F., Botelho, C. E., Resende, M. D. V. D., Rezende, J. C. D., & Mendes, A. N. G. (2013). Eficiência da seleção de progênies de café F₄ pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72:230-236.
- Pessanha, P. G. D. O., Viana, A. P., Amaral Júnior, A. T. D., Souza, R. M. D., Teixeira, M. C., Pereira, M. G (2011). Assessment of genetic diversity in access to *Psidium* spp. via RAPD markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33: 129-136. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452011000100018>.

- Pessoa, A. M. S.; Rêgo, E. R.; Carvalho, M. G.; Santos, C.A.P.; Rêgo, M. M (2018). Genetic diversity among accessions of *Capsicum annuum* L. through morphoagronomic characters. *Genetics and Molecular Research*, 17:1-14.
- Pessoa, A. M.; Rêgo, E. R.; Rêgo, M. M. (2017) *Divergência genética em pimenteiras ornamentais (Capsicum annuum L.)*. Pessoa, A. M.; Rêgo, E. R.; Rêgo, M. M. in *Divergência genética e análise dialélica em pimenteiras ornamentais (Capsicum annuum L.)*. Editora: UFPB, p. 14-23.
- Pimentel, A. J. B.; Guimarães, J. F. R.; Souza, M. A.; Resende, M. D. V. De; Moura, L. M.; Rocha Junior, A. S. C.; Ribeiro, G (2014). Estimation of genetic parameters and prediction of additive genetic value for wheat by mixed models. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília*, 49: 882-890.
- Pinheiro, J.; Bates, D.; Debroy, S.; Sarkar, D. (2023) *nlme: linear and nonlinear mixed-effects models*. R package version 3:1-147. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>. (2023). Acesso em: 02 agosto. 203.
- Pinto, A. C. De Q.; Cordeiro, M. C. R.; Andrade, S. R. M.; Ferreira, F. R.; Filgueiras, H. A. De C.; Alves, R. E.; Kinpara, D. I. (2005). *Annona species*. International Centre for Underutilised Crops, University of Southampton, UK, 284p.
- Piza Junior, C.T., Kavati, R. (1994) A poda da goiabeira de mesa. Campinas: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral, CATI, (Boletim Técnico, 222), 30p.
- Pommer, C. V., Oliveira, O. F., Santos, C. A. F. (2012). Goiaba: recursos genéticos e melhoramento. Mossoró-RN: EdUfersa, 126 p.
- Pompeu Júnior, J., Blumer, B., Resende, M. D. V (2013) Avaliação genética de seleções e híbridos de limões cravo, volkameriano e rugoso como porta-enxertos para laranjeiras valência na presença da morte súbita dos citros. *Rev. Bras. Frutic.*, 35: 199-209.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Júnior, A.T (2017). Analysis of structures of covariance and repeatability in guava segregating population. *Revista Caatinga*, 30: 885-891. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252017v30n408rc>

- R Core Team (2021). *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing.
- Radaelli, J. C., Oliveira, L. S., Fabiane, K. C., da Silva Domingues, L., & Júnior, A. W. (2020). Phenotypic divergence of *Plinia* spp. genotypes based on plant growth behavior. In *Colloquium Agrariae*. ISSN: 1809-8215 (Vol. 16, No. 1, pp. 77-86).
- Reis, N. V (2023). *Caracterização molecular de famílias S₁ e S₂ de goiabeira (Psidium guajava L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes. RJ. 64p.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M.D.V. (2009) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: EMBRAPA, p.975.
- Resende, M. D. V (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330-339.
- Santos, C.A.F., Corrêa, L.C., Costa, S. R (2011). Genetic divergence among *Psidium* accessions based on biochemical and agronomic variables. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11: 149-156. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000200007>
- Santos, E.A., Viana, A.P., Freitas, J.C.O., Rodrigues, D.L., Tavares, R.F., Paiva, C.L., Souza, M.M. (2015). Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*, 204:1-11.
- Santos, R. R., Martins, F. P., Ribeiro, I. J. A., Nascimento, L. M., Igue, T (1998). Avaliação de variedades de goiabeira em Monte Alegre do Sul (SP). *Bragantia*, 57: 117-126. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051998000100014>
- Santos, V.O., Viana, A.P., Preisigke, S.C., Santos, E.A. (2019) Research Article Characterization of a segregating population of passion fruit with resistance to

Cowpea aphid-borne mosaic virus through morpho-agronomic descriptors. *Genetics and molecular research*, 18:1-6.

Shimoya, A., Pereira, A. V, Ferreira RDP, Cruz CD & Carneiro PCS (2002). Repetibilidade de características forrageiras do capim-elefante. *Scientia Agricola*, 59:227-234.

Silva, L. E. (2015). *Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula*. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 54p.

SINGH, R.; SEHGAL, O.P (1968). Studies on the blossom biology of *Psidium guajava* L. (guava); 2, Pollen studies stigmatal receptivity pollination and fruit set. *Indian Journal of Horticulture*, 25, p.52-59.

Simon, G.A., Kamada, T., Moiteiro, M. (2012) Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semin Agrar*, 33: 449–458.

Sobral, M., Proença, C., Souza, M., Mazine, F., Lucas, E. (2015) Myrtaceae in: Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB24034>. Acesso em: 02 de junho de 2020.

Soil Survey Staff (2015). *Illustrated guide to soil taxonomy*. Version 2.0. Lincoln: USDA, NRCS, 2015.

Soubihe Sobrinho, J. (1951) *Estudos básicos para o melhoramento da goiabeira (Psidium guajava L.)*. São Paulo: ESALQ (Tese de Doutorado). 166p.

Soubihe Sobrinho, J., Gurgel, J. T. A (1962). Taxa de panmixia na goiabeira (*Psidium guajava* L). *Bragantia*, 2: 15-20. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051962000100002>

Sousa, C.M.B., Ribeiro, R.M., Viana, A.P., Cavalcante, N.R., Silva, F.A., Ambrósio, M., Amaral Júnior, A.T. (2020) Guava breeding via full-sib Family selection: conducting selection cycle and divergence between parentes and families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20:1-9.

- Torres, G. X., Viana, A. P., Duarte Vieira, H., Rodrigues, D. L., & dos Santos, V. O. (2019). Contribution of seed traits to the genetic diversity of a segregating population of *Passiflora* spp. *Chilean journal of agricultural research*, 79: 288-295.
- Valadares, R. D. N., Nóbrega, D. A., de Lima, L. B., Mendes, A. Q., Silva, F. S., Verardi, C. K.; Resende, M. D. V. De; Costa, R. B.; Gonçalves, P. S (2009). Adaptability, stability and progenies selection of rubber. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44:1277–1282.
- Viana, A. P., Resende, M.D.V (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência. 282p.
- Vivas, M., Silveira, F. S., Vivas, J. M. S., Viana, A. P., Amaral Junior, A. T., Pereira, M. G (2014) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, 73:46-450.
- Wickham, H (2016). *ggplot2: Gráficos elegantes para análise de dados*. Springer-Verlag. Nova Iorque, 2016. Disponível em: <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Yamamoto, E. L. M., Holanda, I. S. A., Morais, P. L. D., Nunes, G. H. S., Antonio, R. P., Lemos, M. S., Silva, J. R (2017) Selection of umbu-cajazeira clones using the REML/BLUP. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 12:496-502.