

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE *Meloidogyne
enterolobii* EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE GOIABEIRA (*Psidium guajava* L.)
PARA SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS

MARIANA ZANDOMÊNICO MANGEIRO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY RIBEIRO – UENF
CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2025

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE *Meloidogyne enterolobii* EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE GOIABEIRA (*Psidium guajava* L.)
PARA SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS

MARIANA ZANDOMÊNICO MANGEIRO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutora em Produção Vegetal”.

Orientador: Prof. Dr. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

M277

Mangeiro, Mariana Zandomênico.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE *Meloidogyne enterolobii* EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE GOIABEIRA (*Psidium guajava* L.) PARA SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS / Mariana Zandomênico Mangeiro. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

109 f. : il.

Inclui bibliografia.

Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.

Orientador: Alexandre Pio Viana.

Coorientador: Ricardo Moreira de Souza.

1. *Psidium guajava* L.. 2. Famílias endogâmicas . 3. *Meloidogyne enterolobii*. 4. Modelos mistos . 5. Divergência genética . I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE *Meloidogyne enterolobii* EM FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE GOIABEIRA (*Psidium guajava* L.)
PARA SELEÇÃO VIA MODELOS MISTOS

MARIANA ZANDOMÊNICO MANGEIRO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutora em Produção Vegetal”.

Aprovada em 25 de fevereiro de 2025

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente

GERALDO DE AMARAL GRAVINA

Data: 16/04/2025 15:34:46-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Geraldo de Amaral Gravina (D. Sc., Fitotecnia) – UENF



Documento assinado digitalmente

RICARDO MOREIRA DE SOUZA

Data: 22/04/2025 10:41:03-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Ricardo Moreira de Souza (Phd, Fitopatologia) – UENF

(Coorientador)



Documento assinado digitalmente

WILLIAN KRAUSE

Data: 21/04/2025 17:25:15-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Willian Krause (D.Sc., Genética e Melhoramento Vegetal) – UNEMAT



Documento assinado digitalmente

ALEXANDRE PIO VIANA

Data: 16/04/2025 15:19:59-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

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

Orientador

*Tudo tem o seu tempo determinado, e há tempo para todo o propósito debaixo do
céu.*

Eclesiastes 3:1

DEDICO

A Deus e a Nossa Senhora

Aos meus pais, Margareth e Marcos

As minhas tias

Ao meu marido Natan

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus e a Nossa Senhora, por sua graça, amor, e por terem me sustentado todos os dias, dando-me força e sabedoria.

A toda minha família, especialmente meus pais, Margareth e Marcos, que me apoiam incondicionalmente, as minhas tias que sempre incentivaram e apoiaram os meus sonhos. Agradeço aos meus avós por terem sido sempre o exemplo de que através de muita luta sempre conquistamos o que a gente deseja. A todos, que mesmo de longe, torceram pelo meu sucesso.

Agradeço ao marido Natan Cavalcante, colega de profissão, inspiração de profissional, por todo apoio, por não ter largado a minha mão, incentivando-me, mostrando que eu era capaz, por ter ido a todos os campos comigo, e sempre me auxiliando em tudo. Minha eterna gratidão, sem você tudo teria sido mais difícil.

Agradeço ao Rafael Nunes e Yure Pequeno, por todo auxílio nas análises estatísticas, por aguentarem as minhas milhares de dúvidas e por ajudar a sanar todas elas.

Agradeço a Flávia Alves pela amizade, companhia nas idas a Itaocara e na condução dos experimentos.

Aos amigos de longa data e os que fiz em Campos, por terem sido apoio, ombro amigo, conselheiros, e estarem juntos em todos os momentos, meu muito obrigada.

Agradeço ao Leandro Hespanhol, Júlio, Marquinhos, Noé, Benedito, Maurício, pelo auxílio na condução do experimento da Ilha Barra do Pomba, em Itaocara. Agradeço ao Alexandre Macedo e ao Chiquinho pelo auxílio na condução dos experimentos em casa de vegetação. Minha eterna gratidão, pela ajuda, pelos conselhos e por não medirem esforços para os experimentos acontecerem.

Ao meu orientador Alexandre Pio Viana pela orientação, apoio, paciência e confiança na execução deste trabalho.

Ao meu coorientador Ricardo Moreira de Souza, pela confiança no desenvolvimento da dissertação e pela orientação e apoio durante a execução dessa tese.

Aos professores que tive até aqui. Sem vocês eu não chegaria ao mestrado.

A banca examinadora, que aceitou o convite e se dispôs a contribuir com este trabalho.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela oportunidade de realização do Doutorado.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Brasil – código de financiamento 001 pela concessão de bolsa de estudos, necessária à conclusão deste curso.

SÚMARIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	4
2.1 Aspectos gerais da cultura da goiaba	4
2.2 Melhoramento genético da goiabeira.....	6
2.3 Modelos mistos no melhoramento genético de plantas	8
2.4 Diversidade genética no melhoramento de plantas	10
2.5 <i>Meloidogyne enterolobii</i>	12
3. ARTIGOS	15
3.1 Estudo genético de famílias endogâmicas S_2 de goiabeira (<i>Psidium guajava</i> L.) e seleção via modelagem mista de genótipos superiores ¹	15
RESUMO	15
INTRODUÇÃO	16
MATERIAL E MÉTODOS	18
RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
CONCLUSÃO	44
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45
3.2 Divergência genética em famílias endogâmicas S_2 de goiabeira (<i>Psidium guajava</i> L.)... 48	48
RESUMO	48
INTRODUÇÃO	49
MATERIAL E MÉTODOS	50
RESULTADOS E DISCUSSÃO	56
CONCLUSÃO	61
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61
3.3 Resistência de famílias endogâmicas S_2 e S_3 de <i>Psidium guajava</i> L. ao nematoide <i>Meloidogyne enterolobii</i>	64
RESUMO	64
INTRODUÇÃO	65
MATERIAL E MÉTODOS	66
RESULTADOS E DISCUSSÃO	74
CONCLUSÃO	85
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	85
4. CONCLUSÃO GERAL	90
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	91

RESUMO

MANGEIRO, Mariana Zandomênico Mangeiro; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; Divergência genética e resistência ao nematoide *Meloidogyne enterolobii* em famílias endogâmicas de goiabeira (*Psidium guajava* L.) para seleção via modelos mistos; Orientador: D.Sc. Alexandre Pio Viana.

Um dos principais desafios na produção de goiaba é a falta de cultivares adaptadas às regiões produtoras. Para resolver isso, o programa de melhoramento genético de goiabeiras da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) busca desenvolver novas cultivares, com foco na condução de famílias endogâmicas de goiabeira. O primeiro trabalho teve como objetivo realizar a avaliação genética pela estimação dos parâmetros genéticos das 10 famílias S_2 de *Psidium guajava* L. e selecionar as famílias/indivíduos mais produtivas para compor a S_3 , por meio da metodologia de modelos mistos. A análise de Deviance revelou diferenças significativas entre os indivíduos para ambos os caracteres estudados. As variâncias genéticas para número total de frutos (NTF) e peso total de frutos (PTF) indicaram alta variabilidade genética nas famílias. Os coeficientes de herdabilidade mostraram valores de média a alta magnitude nas duas colheitas (17% a 60%), indicando que a seleção será eficiente, especialmente em gerações iniciais. A produção média na primeira colheita foi de 2,09 kg e 10 frutos por planta, enquanto na segunda colheita foi de 2,62 kg e 15 frutos por planta. Com base no BLUP, foram selecionados 30 indivíduos de diferentes famílias para as duas safras, que foram autofecundados para formar a próxima população endogâmica. O estudo contribui para a identificação de genótipos superiores para o melhoramento genético da goiabeira. O segundo experimento teve como objetivo avaliar a divergência genética entre 100 indivíduos de goiabeira (*P. guajava* L.) provenientes de 10 famílias endogâmicas S_2 , por meio da técnica de Gower e do método de agrupamento UPGMA, visando compreender a variabilidade genética da população. O experimento foi conduzido entre janeiro e dezembro de 2022, na estação experimental localizada na Ilha Barra do Pomba, em Itaocara, estado do Rio de Janeiro. Foram avaliadas características morfoagronômicas e de produção de frutos, incluindo variáveis quantitativas, como o número de frutos e a produção total de frutos, além de 24 descritores qualitativos relacionados a características morfológicas das folhas, flores e frutos. A análise de divergência genética foi realizada utilizando o algoritmo de Gower para calcular a matriz de dissimilaridade, que levou em consideração tanto variáveis contínuas quanto categóricas. O agrupamento dos

genótipos foi realizado pelo método UPGMA, que permitiu formar quatro grupos distintos, evidenciando a diversidade genética entre os indivíduos avaliados. O primeiro grupo, composto por 70 indivíduos, reuniu plantas com menor produtividade, enquanto o segundo grupo, com 20 indivíduos, apresentou maior variação na produção. O terceiro grupo contou com 7 indivíduos, e o quarto grupo foi o menor, formado por apenas 3 indivíduos da família 5, conhecidos por sua alta produtividade. O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0,93, indicando um bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado. A análise da importância relativa dos descritores revelou que características como o número de frutos e a produção total foram as mais informativas, e descritores como o espaçamento entre as nervuras das folhas e textura da superfície dos frutos apresentaram baixa contribuição para a diferenciação dos genótipos, podendo ser descartadas para estudos futuros. A análise de divergência genética com o uso dos métodos multivariados permitiu identificar grupos distintos de genótipos de goiabeira. A combinação das variáveis quantitativas e qualitativas foi fundamental para o sucesso da análise, permitindo a seleção de materiais com alto potencial para programas de melhoramento genético da cultura. O terceiro trabalho, teve como objetivo avaliar a resistência de famílias endogâmicas S₂ e S₃ ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), de julho a novembro de 2024. Para a inoculação, foi utilizado um isolado puro de *M. enterolobii* e as plantas foram inoculadas com 2.000 ovos + J2 por planta. As variáveis avaliadas incluíram a massa fresca da parte aérea (MFPA) e das raízes (MFR), altura da parte aérea (APA), número de folhas (NF), população final (PF) e o fator de reprodução (FR) do nematoide. O fator de reprodução (FR) foi utilizado para classificar a resistência das famílias. A análise de Deviance revelou que não houve diferenças significativas nas variáveis vegetativas, nem nas variáveis relacionadas ao nematoide entre as famílias S₂, S₃ e a cultivar *Paluma*. A classificação de resistência, baseada no fator de reprodução (FR) e no percentual de redução do FR (PR%), confirmou que as famílias apresentaram diferentes níveis de resistência de acordo com a metodologia utilizada para classificá-las.

ABSTRACT

MANGEIRO, Mariana Zandomênico Mangeiro; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; Genetic divergence and resistance to the nematode *Meloidogyne enterolobii* in inbred families of guava (*Psidium guajava* L.) for selection via mixed models; Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana.

One of the main challenges in guava production is the lack of cultivars adapted to the producing regions. To solve this, the guava genetic improvement program of the Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) seeks to develop new cultivars, focusing on the management of inbred guava families. The first study aimed to perform the genetic evaluation by estimating the genetic parameters of the 10 S2 families of *Psidium guajava* L. and select the most productive families/individuals to compose S3, through the mixed model methodology. The deviance analysis revealed significant differences between individuals for both studied traits. The genetic variances for total number of fruits (NTF) and total fruit weight (PTF) indicated high genetic variability in the families. The heritability coefficients showed values of medium to high magnitude in both harvests (17% to 60%), indicating that the selection will be efficient, especially in initial generations. The average production in the first harvest was 2.09 kg and 10 fruits per plant, while in the second harvest it was 2.62 kg and 15 fruits per plant. Based on the BLUP, 30 individuals from different families were selected for the two harvests, which were self-fertilized to form the next inbred population. The study contributes to the identification of superior genotypes for the genetic improvement of guava. The second experiment aimed to evaluate the genetic divergence among 100 guava individuals (*P. guajava* L.) from 10 inbred families S2, using the Gower technique and the UPGMA clustering method, aiming to understand the genetic variability of the population. The experiment was conducted between January and December 2022, at the experimental station located on Barra do Pomba Island, in Itaocara, state of Rio de Janeiro. Morphoagronomic and fruit production characteristics were evaluated, including quantitative variables, such as number of fruits and total fruit production, in addition to 24 qualitative descriptors related to morphological characteristics of leaves, flowers and fruits. Genetic divergence analysis was performed using the Gower algorithm to calculate the dissimilarity matrix, which took into account both continuous and categorical variables. Genotypes were grouped using the UPGMA method, which allowed the formation of four distinct groups, evidencing the genetic diversity among the individuals evaluated. The first group, composed of 70 individuals, gathered plants

with lower productivity, while the second group, with 20 individuals, showed greater variation in production. The third group had 7 individuals, and the fourth group was the smallest, formed by only 3 individuals from family 5, known for their high productivity. The cophenetic correlation coefficient (CCC) was 0.93, indicating a good fit between the dissimilarity matrix and the generated dendrogram. The analysis of the relative importance of the descriptors revealed that characteristics such as number of fruits and total production were the most informative, while descriptors such as spacing between leaf veins and fruit surface texture presented a low contribution to the differentiation of genotypes and can be discarded for future studies. In conclusion, the analysis of genetic divergence using multivariate methods allowed the identification of distinct groups of guava genotypes. The combination of quantitative and qualitative variables was essential for the success of the analysis, allowing the selection of materials with high potential for crop genetic improvement programs. The third study aimed to evaluate the resistance of inbred families S2 and S3 to the nematode *Meloidogyne enterolobii*. The experiment was carried out in a greenhouse at the Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), from July to November 2024. For inoculation, a pure isolate of *M. enterolobii* was used and the plants were inoculated with 2,000 eggs + J2 per plant. The variables evaluated included fresh mass of the shoot and roots, height of the shoot, number of leaves, final population and the nematode reproduction factor. The reproduction factor (RF) was used to classify the resistance of the families. Deviance analysis revealed that there were no significant differences in the vegetative variables (fresh mass of shoot, fresh mass of root, height of shoot, plant length and number of leaves) nor in the variables related to the nematode (final population and reproduction factor) between the families S2, S3 and the cultivar Paluma. The resistance classification, based on the reproduction factor reproduction (FR) and the percentage of FR reduction (PR%), confirmed that the families presented different levels of resistance according to the methodology used to classify them.

1. INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) pertence à família Myrtaceae, é uma planta nativa da América do Sul e amplamente observada em todas as regiões tropicais e subtropicais ao redor do mundo (Risterucci et al., 2005). A goiaba é uma das frutas que coloca o Brasil em uma posição dentre os maiores produtores de frutas no mundo. No Brasil, é consumida tanto *in natura* quanto na forma de produtos industrializados, como doces, sucos, geleias e sorvetes.

O Brasil lidera o ranking mundial de produção de vermelha e, quando consideradas conjuntamente goiabas vermelhas e brancas, o Brasil ocupa o quarto lugar mundial, atrás da Índia, do Paquistão e do México (Ribeiro, 2018). No ano de 2023, o país produziu 582.832 toneladas, em uma área de 22.487 hectares, gerando uma receita de R\$1.306.013 mil reais, destacando-se os estados do Pernambuco, São Paulo, Paraná e Bahia (IBGE, 2023).

Apesar do crescimento na produção ao longo dos anos, um dos obstáculos enfrentados pelos produtores brasileiros é o baixo número de cultivares disponíveis e adaptadas para as regiões produtoras, sendo o total de 14 cultivares registradas no RNC (Registro Nacional de Cultivares) (Mapa, 2024) e problemas fitossanitários, dentre eles o nematoide *Meloidogyne enterolobii* (Yang e Eisenback, 1983). Este nematoide, em associação sinérgica com o fungo *Neocosmospora falciformes*, promove a doença conhecida como declínio da goiabeira e causa como sintomas galhas na raiz da planta, perdas de raízes finas, bronzeamento e amarelecimento nas folhas, desfolha de toda a parte aérea e, conseqüentemente, morte da planta (Gomes et al., 2011). E não existem genótipos de *P. guajava* resistentes ao *M. enterolobii*.

Devido à baixa disponibilidade de cultivares de goiabeira e na escassez de estudos relacionados à cultura, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro vem conduzindo um programa de melhoramento genético da goiabeira (PMGG) há cerca de 16 anos. Ao longo desse período, obteve-se resultados positivos como a obtenção das famílias endogâmicas utilizadas nesse estudo (Pessanha et al., 2011, Campos et al., 2013, Oliveira et al., 2014, Campos et al., 2016, Gomes et al., 2017, Quintal et al., 2017, Santos et al., 2020, Silva et al., 2020, Souza et al., 2020, Ambrósio et al., 2021, Silva et al., 2021, Lima et al., 2023).

Pelo fato de a goiabeira apresentar uma taxa de autofecundação maior que a de fecundação cruzada, a condução de população via linhagens é favorecida, com isso o PMGG se tornou pioneiro na condução de estudos de famílias endogâmicas de goiabeira. Deste modo, tornou-se necessário a realização de estudos voltados para obtenção de linhagens, com a consequente fixação alélica, disponibilizando aos produtores um material homogêneo e de qualidade para seus pomares.

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 concentrarem esforços e recursos nas combinações com maior potencial de melhoramento (Ambrósio, 2020).

O uso de estratégias de seleção que possam agregar ganhos genéticos em um conjunto de características relevantes a produção e qualidade de frutos são de extrema importância para selecionar genótipos superiores, principalmente quando se trata de variáveis quantitativas (Cruz et al., 2012). A seleção de famílias com base em caracteres quantitativos de produção, possibilita a identificação de famílias mais promissoras e produtivas, sendo assim é importante o uso de métodos de seleção apropriados para o melhoramento genético de espécies perenes. E dentre as metodologias, o uso de modelos mistos REML/BLUP é um bom procedimento pois estima os parâmetros genéticos, através da estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximun Likelihood – REML) e seleciona os genótipos através da predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP), resultando em uma seleção mais acurada (Resende, 2002, Alves e Resende, 2008).

E dentro dos programas de melhoramento o estudo da divergência genética, permite conhecer a variabilidade das populações, realizando o monitoramento de cruzamentos, autofecundações e utilização de informações viáveis que estão relacionadas à preservação e ao uso dos recursos vegetais (Cruz et al., 2014).

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.

E dentre as técnicas mais utilizadas para quantificar a divergência genética da população, estão a análise de dissimilaridade pela distância de Gower, que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos. 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.

O presente estudo teve como objetivo realizar a avaliação genética pela estimação dos parâmetros genéticos das 10 famílias S₂ de *P. guajava* L. e selecionar as famílias/progênies mais produtivas para compor a S₃, por meio da metodologia de modelos mistos, avaliar as famílias endogâmicas S₂ e S₃ de goiabeira quanto a resistência ao nematoide *M. enterolobii* e caracterizar a divergência genética entre 100 indivíduos das famílias endogâmicas S₂ por meio da técnica de Gower e o agrupamento UPGMA e também quantificar a contribuição relativa dos caracteres.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aspectos gerais da cultura da goiaba

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. cattleianum* Sabine, *P. guineense* Swartz ou *P. araça* 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).

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

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 preflorescência. 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).

Os maiores produtores mundiais de goiaba são a Índia, Paquistão, Brasil, Egito, Venezuela e Estados Unidos. No ano de 2023, o Brasil produziu 582.832 toneladas, em uma área de 22.487 hectares, gerando uma receita de R\$ 1.306.013 mil reais, destacando-se os estados do Pernambuco, São Paulo, Paraná e Bahia (IBGE, 2023).

No Brasil, as cultivares predominantes são: Paluma (polpa vermelha), Rica (polpa vermelha), Ogawa nº1 (polpa vermelha), Ogawa nº1 (polpa branca), Ogawa nº2 (polpa vermelha), Ogawa nº3 (polpa rosada), Pedro Sato (polpa rosada), Sassaoka (polpa rosa claro), Século XXI (polpa vermelha), Kumagai branca (polpa branca), Kumagai vermelha (polpa vermelha), Guanabara (polpa rosada), Nomura (polpa branca), Pentecostes (polpa amarelada). Entretanto, as cultivares Paluma, Rica, Pedro Sato, Sassaoka, Ogawa e Século XXI são as mais cultivadas (Pommer & Murakami, 2006, Hernández Delgado et al., 2007, Dinesh & Vasugi, 2010). No mercado interno a preferência gira em torno das frutas com polpa de coloração vermelha, enquanto o mercado externo prefere as de polpa branca (Gonzaga Neto, 2007).

A goiaba enfrenta desafios, tais como: desenvolvimento de cultivares que expressam características morfológicas e nutritivas que sejam bem aceitas pelo consumidor, cultivares melhoradas geneticamente que atendam às exigências de cultivo, tratos culturais bem empregados e a necessidade de aperfeiçoar toda a logística desde a colheita até a mesa do consumidor. Além disso, principalmente nos primeiros meses de implantação do pomar, a goiabeira é sensível a estresse bióticos e abióticos, como a presença de plantas daninhas na entrelinha de cultivo e de patógenos, como fungos, bactérias, vírus e nematoides, que são responsáveis por prejudicar e inviabilizar o cultivo da frutífera (Rai et al., 2010, Padilla-Ramirez et al., 2012). *Astropuccinia psidii*, fungo do complexo *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. & Sacc., *Sphaceloma psidii* Bitancour & Jenkins, *Erwinia psidii*, *Guignardia psidii* Ullasa & Rawal e *Meloidogyne* spp. são agentes etiológicos de doenças da goiabeira.

Dentre os nematoides-das-galhas *Meloidogyne enterolobii* é considerado o principal problema fitossanitário da goiabeira (Fischer et al., 2005, Pommer & Santos, 2013, Santos et al., 2020).

2.2 Melhoramento genético da goiabeira

No melhoramento de fruteiras, a qualidade do fruto é um dos fatores mais importantes, especialmente considerando que o mercado está cada vez mais exigente por produtos de alto padrão. Por isso, é essencial monitorar variáveis como teor de sólidos solúveis, acidez, teor de vitamina C, entre outras, durante os estudos de melhoramento, a fim de identificar genótipos superiores que unam essas características com um bom desempenho agrônomo.

No Brasil, os primeiros trabalhos relacionados ao melhoramento de goiabeira foram realizados por Soubiê, na escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, da Universidade de São Paulo, publicado em 1951. Hoje em dia, encontram-se trabalhos sendo desenvolvidos no IAC – Instituto Agrônomo de Campinas, Esalq – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, UFES – Universidade Federal do Espírito Santo e UENF – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

As principais variedades, produtoras de frutos destinados ao consumo *in natura*, surgiram de trabalhos desenvolvidos por produtores de origem japonesa, que pela seleção realizada em seus pomares, obtiveram plantas, cujos frutos apresentaram qualidades adequadas a comercialização. A partir da seleção feita pelos produtores, foi possível o surgimento das cultivares como Kumagai, Ogawa, Pedro Sato e Sassaoka. A introdução de genótipos melhorados provenientes da Austrália, dos Estados Unidos, da América e da Índia, também trouxe uma grande colaboração para o melhoramento da espécie, através desses materiais foi possível a obtenção das cultivares Rica e Paluma (Pereira e Nachtigal 2002; Gomes Filho, 2009). Estas cultivares são altamente produtivas, com produção maior que 11,50 t/ha, de crescimento horizontal potente e com boa tolerância à ferrugem (*Puccinia psidii*) (Oliveira et al., 2012).

Com o intuito de desenvolver cultivares de goiaba que sejam produtivas e com características agrônomicas desejáveis, desde 2008 a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro vem desenvolvendo um programa de melhoramento

genético da goiabeira (PMGG). O programa iniciou com os trabalhos de pré-melhoramento com Pessanha et al. (2011), sendo desenvolvidos estudos ligados à diversidade do gênero, citogenética interespecífica e diversidade genética de 20 acessos de *Psidium* sp., coletados na cidade de São João da Barra e São Francisco do Itabapoana, no Estado do Rio de Janeiro. Foram utilizados 28 marcadores RAPD para estudar a divergência genética desses acessos e direcionar cruzamentos, resultando na seleção de sete genitores mais contrastantes.

Posteriormente, Paiva et al. (2016) compararam diferentes métodos de seleção entre e dentro de progênies, utilizando seleção direta e indireta, índice de seleção e 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), e quantificar a repetibilidade das variáveis analisadas.

Dando prosseguimento ao PMGG, Quintal et al. (2017) utilizaram os mesmos genitores de Pessanha et al. (2011) para obter 17 famílias, com o intuito de selecionar progênies segregantes de goiabeiras via modelos mistos, baseados em estimadores REML/BLUP.

Sousa et al. (2020), avaliaram famílias de irmãos-completos e estimaram parâmetros genéticos pelo procedimento dos modelos mistos, através da distância euclidiana média, foi estimada a divergência genética nos indivíduos. Avaliou-se nessa população a diversidade via marcadores microsatélites, além de análises agrônômicas, nutricionais, de pós-colheita dos frutos e atualmente vem sendo implementada a seleção genômica (GS).

Devido ao sistema reprodutivo da goiabeira ser misto (autógama/alógama), outra vertente pode ser seguida no PMGG, que foi a de famílias endogâmicas. Foram originadas 18 famílias S1 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.

Prosseguindo com os estudos de famílias endogâmicas Ambrósio et al. (2021) avaliaram e selecionaram os genótipos mais produtivos das 18 famílias S1, e por autofecundação obtiveram 10 famílias S2. Estas foram plantadas em janeiro de 2020,

e foram avaliadas e selecionadas via modelos mistos baseados em estimadores REML/BLUP neste trabalho.

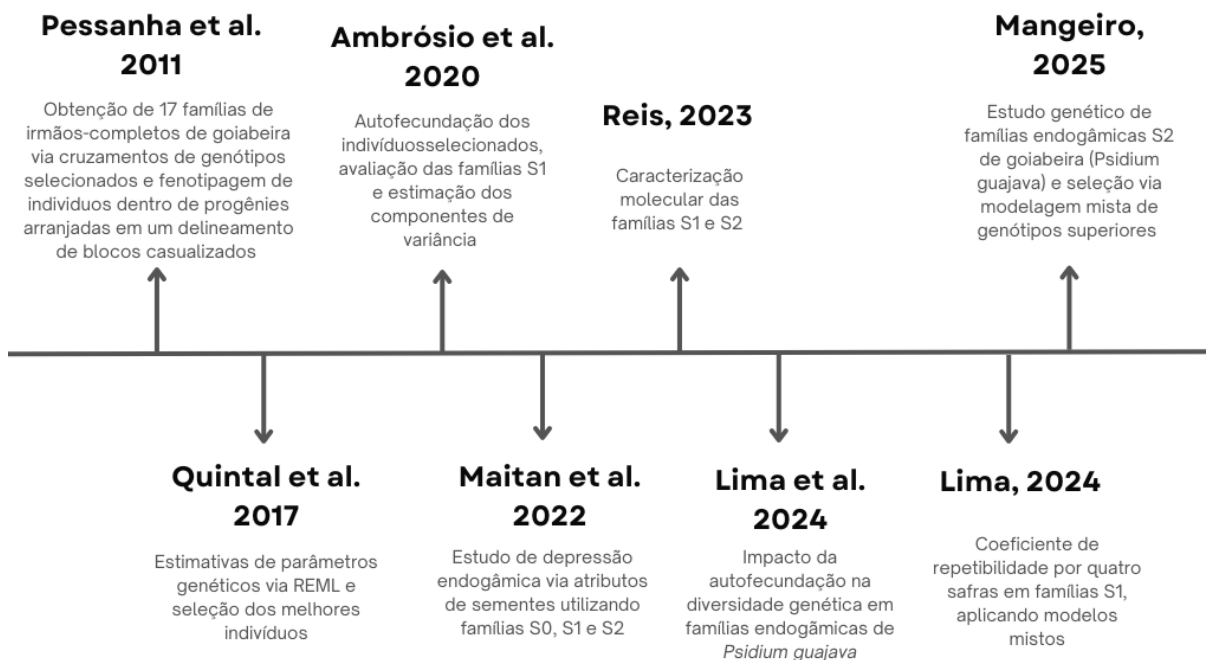


Figura 1. Histórico do programa de Melhoramento Genético de Goiabeira com famílias endogâmicas (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2025).

2.3 Modelos mistos no melhoramento genético de plantas

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

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

(REML), e predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão (Viana e Resende, 2014).

O procedimento REML/BLUP tem sido usado no melhoramento de fruteiras no Brasil. Para a seleção de progênies e indivíduos, os relatos na literatura indicam resultados promissores para o guaranazeiro (Atroch et al., 2010), maracujazeiro (Assunção et al., 2015; Cavalcante et al., 2019), umbuzeiro (Oliveira et al., 2004), açazeiro (Farias Neto et al., 2008).

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

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

O BLUP possibilita estimar os ganhos genéticos aditivos, de dominância e genotípicos, além de corrigir os dados para efeitos ambientais identificáveis, tais como efeitos de bloco, local, época, dentre outros (Resende et al., 2001; Fonseca et al., 2010). A metodologia BLUP também tem a funcionalidade de prever os valores genéticos dos indivíduos (Resende et al., 2001).

As principais vantagens do uso do método de modelos mistos (REML/BLUP) na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas mais precisas; (d) corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho

genético com seleção; (e) permiti comparar indivíduos através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); (f) lida com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos (Viana e Resende, 2014).

2.4 Diversidade genética no melhoramento de plantas

A seleção dos melhores indivíduos para serem utilizados em cruzamentos para uma próxima geração é essencial para o melhoramento genético de qualquer cultura. Com isso, estudo da diversidade genética consiste em uma importante etapa tanto para o melhoramento de plantas quanto para a conservação de espécies vegetais, pois permite descrever e diferenciar acessos, o que possibilita identificar genótipos contrastantes a fim de realizar cruzamentos promissores e encontrar fontes de resistências a doenças (Cruz e Carneiro, 2006).

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

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

A escolha do método mais apropriado tem sido baseada na precisão que o pesquisador deseja obter, pela facilidade de análise e pela forma como são obtidas as informações fenotípicas (Bezerra Neto et al., 2010). Para realização dessas análises, são utilizados diferentes tipos de distâncias genéticas, dentre elas a distância Euclidiana, recomendada para variáveis contínuas ou quantitativas, a distância de Gower é usada quando se estudam, em conjunto, características qualitativas e quantitativas (Cruz et al., 2012).

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos dos melhoristas, uma vez que quantificam e informam o grau de semelhança ou diferença entre diferentes genótipos, no entanto o grande número de estimativas impossibilita o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual das estimativas (Cruz et al., 2012). Assim, faz-se uso de métodos de agrupamento que possibilitam classificar o grupo original de genótipos em vários subgrupos, de forma que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos. (Cruz et al., 2012).

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: a) utilizando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, denominado método da distância média (UPGMA); b) utilizando a menor distância existente entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais próximo ou da ligação simples e c) 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 agronômicos desempenham um papel importante na caracterização 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), Mendes et al. (2019), Torres et al. (2019), Radaeli et al. (2020), Ambrósio et al. (2022) e Dos Santos et al. (2022).

2.5 *Meloidogyne enterolobii*

O nematoide conhecido anteriormente como *M. mayaguensis* é atualmente considerado como sinônimo de *M. enterolobii* (Perry et al., 2009).

M. enterolobii Yang & Eisenback (1983) foi descrito na China parasitando *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) e em 1989 foi detectado em Cuba parasitando café (*Coffea arabica* L.) (Decker & Rodriguez, 1989). No Brasil, o primeiro relato foi feito em goiabeiras no município de Petrolina (PE) e nos municípios baianos de Curaçá e Maniçoba, causando danos severos em lavouras comerciais de goiabeira (Carneiro et al., 2001). O último relato da presença do nematoide no Brasil foi na cultura do algodão (*Gossypium hirsutum* L.) em 2020 no estado de Minas Gerais (Galbieri et al., 2020).

Além da goiaba, *M. enterolobii* foi identificado em raízes de outras espécies, como feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), café (*Coffea arabica* L.), algodão (*Gossypium hirsutum* L.), beringela (*Solanum melongena* L.), mamão (*Carica papaya* L.), pimenta (*Capsicum annuum* L.), batata (*Solanum tuberosum* L.), soja (*Glycine max* (L.) Merr.), tomate (*Solanum lycopersicum* L.) (Carneiro et al., 2001, Curtis et al., 2009, Gomes et al., 2013, Luquini et al., 2019).

Espécies do gênero *Meloidogyne* spp. são fitopatógenos biotróficos com ciclo de vida de 4-5 semanas em condição ambiental favorável. O estilo de vida é endoparasita e as fêmeas são sedentárias. O juvenil de 2º estágio (J2) é responsável pelo início do ciclo infectivo. O J2 eclode dos ovos e a liberação de exsudados radiculares os atrai em direção às raízes. A penetração ocorre na zona de elongação da raiz, com auxílio da pressão exercida pelo estilete, este secreta substâncias provenientes das glândulas esofagianas, responsáveis pela degradação dos componentes da parede celular. O rompimento dos tecidos radiculares facilita, então, a penetração do nematoide (Tapia-Vázquez et al., 2022).

Posteriormente, o nematoide movimenta-se até alcançar os tecidos parenquimáticos vasculares onde se estabelece e, com auxílio de substâncias secretadas pelo estilete, originam células gigantes, compostas por 5 a 7 células

multinucleadas cujos núcleos se dividem sem citocinese (Huang & Maggenti, 1969). Essas funcionam como reservatórios nutritivos para as fêmeas durante o processo infectivo. Na região que circunda as células gigantes, ocorre a formação de tecido hiperplástico, que resulta nos sintomas típicos de galhas nas raízes. A célula gigante contém maior quantidade de aminoácidos, proteínas e ácidos nucléicos que as células vegetais saudáveis e é responsável por desviar nutrientes e fotoassimilados da planta para a nutrição da fêmea durante o processo infectivo. A formação das células gigantes garante o estabelecimento da compatibilidade positiva entre nematoide-planta e a consequente suscetibilidade do hospedeiro (Abad et al., 2009).

Os juvenis de 2º estágio (J2s) perdem a mobilidade, passando então pelos estádios J3 e J4, durante os quais não se alimentam. Ao chegarem à fase adulta, dependendo das condições ambientais e nutricionais, estes últimos diferenciam-se em fêmeas obesas ou machos vermiformes. A fêmea adulta é branco-leitosa brilhante, em forma de pera e pode originar até 1.000 ovos depositados em uma capa protetora de matriz glicoproteica secretada pelas glândulas retais (Jones et al., 2013, Shigueoka et al., 2019). As alterações induzidas pelas células gigantes na morfologia e anatomia da raiz influenciam os processos que ocorrem em nível fisiológico, na planta (Nguyen et al., 2014).

Os sintomas diretos envolvem a formação de protuberâncias nas raízes, conhecidas como galhas, ou a formação de pontos necróticos e destruição do córtex. Sintomas reflexos na parte aérea, como redução no crescimento, amarelecimento, murcha e deformação das estruturas vegetais podem ser observados em reboleiras no campo (Westerich et al., 2011, EPPO, 2014).

Em goiabeiras, o fitonematoide parasita todos os tipos de raízes, desde as radículas superficiais até a raiz pivotante mais lignificada, localizada a mais de 50 cm de profundidade. Causando sintomas característicos nas raízes (galhas, apodrecimento), na parte aérea (bronzamento, amarelecimento, queima dos bordos e queda das folhas).

Há de se notar que goiabeiras parasitadas por *M. enterolobii* convivem com o nematoide por muitos meses, porém com uma produtividade em torno de 30% menor do que aquela obtida em plantas sadias (Souza et al., 2007). Nos anos entre 2000 e 2007, no Vale do Rio São Francisco, que é uma importante região produtora de goiaba, houve uma redução de aproximadamente 70% na produção, devido, principalmente, à infecção por esse nematoide (Freitas et al., 2014). Já na Índia, que

é um grande produtor de goiaba, em 2020, produtores relataram perda de produtividade de 45 a 85%, em virtude da presença de *M. enterolobii* nas lavouras (Singh, 2020).

Além dos prejuízos causados pelo nematoide de forma isolada, tem-se um grave problema fitossanitário que é o declínio da goiabeira, que é a interação sinérgica do nematoide *M. enterolobii* e o fungo *Neocosmospora falciformes*, que foram responsáveis pela erradicação de diversos pomares (Gomes et al., 2011). O parasitismo pelo fitonematoide *M. enterolobii* leva goiabeiras que eram imunes ao fungo *N. falciformis*, a ficarem suscetíveis a esse ataque, que em apenas alguns meses, causa extensas degradações das raízes, levando a deficiências nutricionais, cloroses, queima das folhas, queda de folhas, declínio drástico no rendimento e morte de plantas, em um processo irreversível (Gomes et al., 2014, Gomes et al., 2017).

O uso de cultivares resistentes é a estratégia de controle mais sustentável, visto que diversas outras estratégias para o controle ou manejo desta doença foram avaliadas, mas sem nenhuma perspectiva de solução em curto prazo, visto que não há fontes de resistência a *M. enterolobii* em *P. guajava*.

3. ARTIGOS

3.1 Estudo genético de famílias endogâmicas S₂ de goiabeira (*Psidium guajava* L.) e seleção via modelagem mista de genótipos superiores¹

¹ Formatado de acordo com as regras de submissão da revista Scientia Agricola

RESUMO

Um dos principais desafios na produção de goiaba é a falta de cultivares adaptadas às regiões produtoras. Para resolver isso, o programa de melhoramento genético de goiabeiras da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) busca desenvolver novas cultivares, com foco na condução de famílias endogâmicas de goiabeira. O estudo tem como objetivo estimar parâmetros genéticos de famílias S₂, selecionando aquelas com características superiores para formar a próxima geração (S₃). O experimento foi realizado em Itaocara – RJ/Brasil, com a avaliação de plantas em duas colheitas, focando no número de frutos e na produção total. Foram realizadas autofecundações de genótipos superiores para gerar as famílias avaliadas. A análise dos dados foi feita por meio do procedimento REML/BLUP, utilizando o programa Selegen. A análise de Deviance revelou diferenças significativas entre os indivíduos para ambos os caracteres estudados. As variâncias genéticas para número total de frutos (NTF) e peso total de frutos (PTF) indicaram alta variabilidade genética nas famílias. Os coeficientes de herdabilidade mostraram valores de média a alta magnitude nas duas colheitas (17% a 60%), indicando que a seleção será eficiente, especialmente em gerações iniciais. A produção média na primeira colheita foi de 2,09 kg e 10 frutos por planta, enquanto na segunda colheita foi de 2,62 kg e 15 frutos por planta. Com base no BLUP, foram selecionados 30 indivíduos de diferentes famílias para as duas safras, que foram autofecundados para formar a próxima população endogâmica. O estudo contribui para a identificação de genótipos superiores para o melhoramento genético da goiabeira.

INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é a mais importante frutífera da família Myrtaceae, nativa da América tropical. Existe uma gama de cultivares com diferentes frutos de goiabeira, com as mais diversas características, desde o seu formato podendo variar de redondo a piriforme, cor da polpa variando entre branca, vermelha, amarela, tamanho do fruto, dentre outras. O valor funcional, sabor, aroma e aparência, bem como a dupla aptidão para consumo *in natura* e processamento colocam a goiaba como uma fruta tropical de grande importância (Flores et al., 2015).

As principais cultivares plantadas no País são: 'Paluma', 'Pedro Sato', 'Rica', 'Século XXI', 'Cortibel', 'Tailandesa', 'Ogawa', 'Sassaoka' e 'Kumagai' (Flori, 2016). No ano de 2022, o Brasil obteve uma produção de frutos de 564.764 toneladas e uma área plantada de 22.630 hectares, com rendimento médio de 24.956 kg ha⁻¹. Pernambuco e São Paulo são os estados que apresentaram maior produção (IBGE, 2022).

Um dos principais entraves enfrentados pelos produtores brasileiros é o baixo número de cultivares disponíveis e adaptadas para as regiões produtoras, com o total de 14 cultivares registradas no RNC (Registro Nacional de Cultivares), com oito registradas no Estado do Espírito Santo, cinco para o Estado de São Paulo e uma para o Distrito Federal (MAPA, 2024).

Para que a produtividade aumente, é necessário que genótipos produtivos sejam selecionados com precisão. Contudo, espécies perenes, como a goiabeira, apresentam algumas peculiaridades que podem dificultar o melhoramento da cultura. Dentre elas, a necessidade de uma área experimental grande, ciclo reprodutivo longo, oscilação de produção, são algumas das características das espécies perenes (Pereira et al., 2013). Devido a essas características, é necessária a avaliação de várias safras para que os genótipos promissores sejam selecionados com mais precisão.

Diante o exposto, vale destacar a importância do desenvolvimento do programa de melhoramento genético da goiabeira que objetive na seleção de indivíduos superiores ou melhores adaptados para as regiões produtoras. Com isso, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem conduzindo um programa de melhoramento genético para a goiabeira há cerca de dezesseis anos, com diversos trabalhos desenvolvidos (Pessanha, 2011, Campos et al., 2016, Quintal et al., 2017, Paiva et al., 2017, Silva et al., 2020, Ambrósio et al., 2021).

De acordo com Medina (1988) a goiaba é uma espécie autógama-alógama, ou seja, que apresenta o sistema de reprodução misto, mas com uma taxa de autofecundação maior que a taxa de fecundação cruzada, fato este que pode favorecer a condução de populações via linhagens.

Em vista disso, a realização de estudos voltados para obtenção de linhagens, com a consequente fixação alélica, tornou-se necessária para disponibilizar aos produtores um material homogêneo e de qualidade. O programa de melhoramento genético de goiabeira da UENF é pioneiro na condução de famílias endogâmicas (S_1 e S_2) (Ambrósio et al., 2020, Ambrósio et al., 2022), sendo de grande valia a avaliação do desempenho de progênies em gerações iniciais de endogamia, pois permite ao melhorista concentrar esforços e recursos em indivíduos com maior potencial.

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

A seleção de famílias com base em caracteres quantitativos de produção, possibilita a identificação de famílias mais promissoras e produtivas, sendo assim, é importante o uso de métodos de seleção apropriados para o melhoramento genético de espécies perenes. E dentre as metodologias, o uso de modelos mistos REML/BLUP é um bom procedimento pois estima os parâmetros genéticos, através da estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximun Likelihood – REML) e seleciona os genótipos através da predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP), resultando em uma seleção mais acurada (Quintal et al., 2017, Cavalcante et al., 2019, Mendes et al., 2022, Ambrósio et al., 2023).

Diante o exposto, o presente trabalho teve por objetivo realizar a avaliação genética pela estimação dos parâmetros genéticos das 10 famílias S_2 de *P. guajava* L. e selecionar as famílias/indivíduos mais produtivas para compor a S_3 , por meio da metodologia de modelos mistos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na estação experimental da Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara- RJ (Noroeste do Estado do Rio de Janeiro) (21°40' latitude sul, 42°04' longitude oeste e altitude de 76 m). O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo (Embrapa, 2006). Em relação ao clima, a região possui uma classificação climática do tipo Aw, conforme a classificação climática de Koppen. A temperatura média anual na região é de 22°C e a precipitação média anual é de cerca de 1.297mm. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com dez famílias endogâmicas, três repetições e dez plantas por parcela, totalizando 300 plantas.

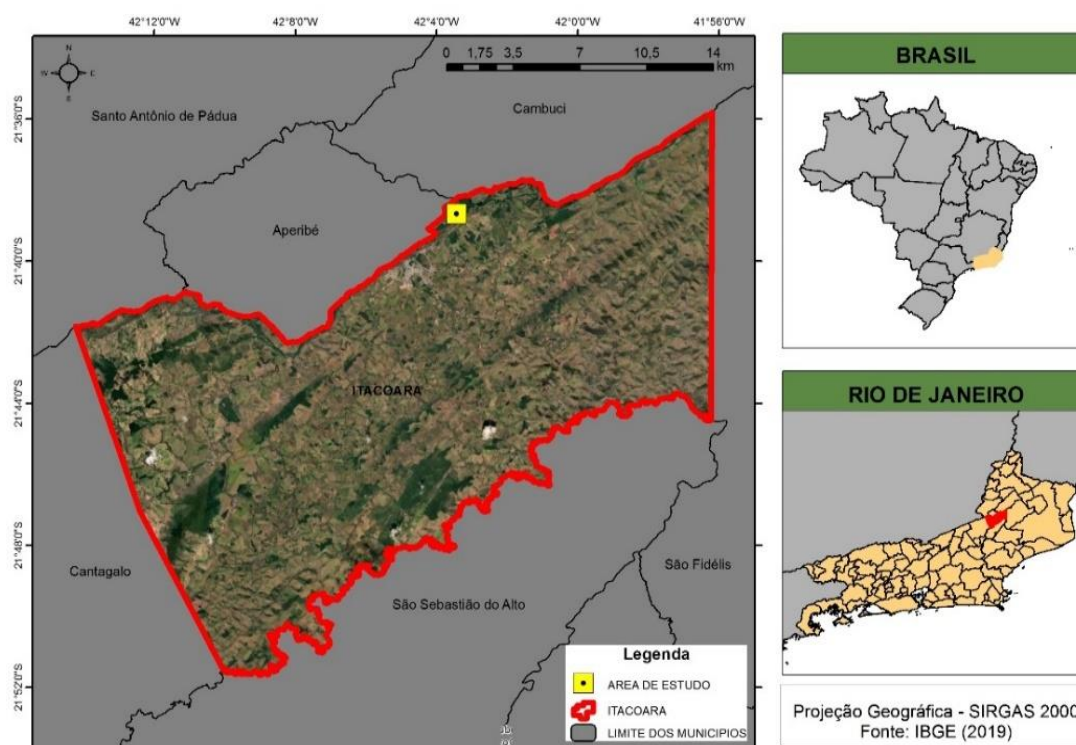


Figura 1. Mapa de localização da área experimental com a população endogâmica de goiabeiras S₂.

A população de goiabeira foi originada por Pessanha et al. (2011) com um trabalho de pré-melhoramento. Após a análise molecular da população, foram realizados cruzamentos intraespecíficos dos acessos de *P. guajava*. Essas hibridações foram realizadas entre os sete genitores superiores e contrastantes encontrados via análise molecular RAPD dando origem a 17 famílias segregantes.

Essa população segregante de ampla variabilidade genética foi avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017) onde as plantas mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas, gerando 18 famílias endogâmicas que foram avaliadas por Ambrósio et al. (2022), a partir dessas famílias foram selecionados os genótipos mais promissores, onde foram obtidas 10 famílias S₂, que compõem este experimento.

As sementes obtidas dos frutos de autofecundação da S₁, foram semeadas em tubetes (três sementes por tubete) e mantidas em casa de vegetação. Em janeiro de 2020, foi realizado o plantio das mudas, em um espaçamento de 4m entre linhas e 1,5 m entre plantas.

A calagem e as adubações de plantio e cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações do Boletim 100 – Recomendação de adubação e calagem para o Estado de São Paulo. A irrigação utilizada foi do tipo localizada por gotejamento.

A primeira colheita foi realizada 28 meses após plantio do experimento, onde as plantas mais precoces (100 plantas) que apresentaram produção, foram avaliadas. A segunda avaliação ocorreu aos 40 meses pós plantio, sendo avaliadas 153 plantas de goiabeira, no período de agosto/2023 a fevereiro/2024.

As características avaliadas foram:

- a) Produção total de frutos por planta (PTF) – foi realizada a pesagem de todos os frutos de cada indivíduo (planta) do início até o final de cada colheita (em Kilogramas);
- b) Número total de frutos por planta (NTF) – contagem de todos os frutos de cada indivíduo, do início até o final da colheita;

Foram colhidos todos os frutos que atingiram o ponto de maturação fisiológica, ou seja, apresentavam a cor da casca no estágio de maturação 3 (verde amarela) (Azzolini et al., 2004).

Na análise individual (uma colheita) as variáveis foram analisadas pelo software Selegen- REML/BLUP (Resende, 2002), que foi utilizado para obter os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML). Para esse trabalho, foi utilizado o modelo estatístico 176 (Seleção em S₂ com uma só medida), proposto por Resende (2017).

Com isso, foi possível estimar os seguintes parâmetros genéticos:

σ_g^2 : variância genotípica entre famílias;

σ_f^2 : variância fenotípica individual;

σ_e^2 : variância residual;

C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

Para os demais parâmetros genéticos e médias, foram utilizados modelos lineares mistos generalizados (GLMM) em linguagem R, utilizando a máxima verossimilhança restrita (REML) como estimador e o melhor preditor linear não viesado (BLUP), aplicados individualmente para as variáveis produção e número de frutos como variável resposta, seguindo o modelo:

$$Y_{(ij)} = \beta_0 + \beta_1 r_{(k)} + \beta_2 (f/p)_{(ij)} + \epsilon_{(ij)}$$

Onde: $Y_{(ij)}$ é um vetor $n \times 1$ de observações fenotípicas, da i^{th} planta da j^{th} família; β_0 é um parâmetro do modelo associado (interceptação); $r_{[i=1,\dots,3]}$ é o vetor paramétrico de efeitos fixos do k^{th} bloco, associado ao vetor Y pela matriz de incidência conhecida β_1 , assumido que $k \sim N(\mu_k, \sigma_k^2)$; f/p é o vetor paramétrico de efeitos aleatórios da i^{th} planta dentro da j^{th} família, influenciando tanto a interceptação quanto a inclinação, associado ao vetor Y pela matriz de incidência conhecida β_2 ; assumindo que $fp \sim N(0, \sigma_{fp}^2)$, onde σ_{fp}^2 é a matriz de variância planta x família, e ϵ é o vetor de efeitos residuais aleatórios, assumindo que $\epsilon \sim N(0, \sigma_e^2)$, onde σ_e^2 é a variância residual.

A partir do modelo, foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

h^2 : herdabilidade, no sentido amplo;

Acprog: acurácia da seleção de progênies;

Foram obtidas também estimativas de ganhos de seleção, aplicando-se uma pressão de seleção de aproximadamente 10% das plantas, ranqueando os valores genéticos das plantas (BLUPS), onde o diferencial de seleção foi: $ds = \bar{\mu}_{\text{selecionados}} - \bar{\mu}_{\text{população}}$; e o ganho de seleção foi $GS = ds * h^2$.

Na análise com duas colheitas, as variáveis foram analisadas pelo software Selegen (Resende, 2002). Nessa análise, foram obtidos os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), também foram realizadas análises para repetibilidade. Para esse trabalho, foi utilizado o modelo estatístico 172 (Seleção em S_2 com medidas repetidas), proposto por Resende (2017).

Esse 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 escrita abaixo (Viana e Resende, 2014):

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

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.

A análise de Deviance foi realizada tanto para a análise individual (uma colheita), quanto para a análise conjunta (duas colheitas).

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), a análise de Deviance (ANADEV) foi obtida da seguinte forma:

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

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

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

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

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

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

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, rg_{med} : 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: $\rho = \sigma^2_g + \sigma^2_{\text{perm}} / \sigma^2_p$. 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, 2017). 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 dois anos de avaliação.

Foi avaliado o nível de coincidência das 30 plantas selecionadas na primeira safra, com as plantas selecionadas na segunda safra, para as características avaliadas. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Hamblin e Zimmermann (1986), pela expressão:

$$IC = \frac{A - C}{B - C} \times 100$$

Onde: A é o número de plantas que coincidentes nas duas épocas de seleção; B é o número de plantas selecionadas, no caso 30, e C, o número de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As plantas avaliadas nesse experimento foram as que apresentaram precocidade na produção, visto que a população de estudo é jovem, as plantas possuem apenas 4 anos. De acordo com Gonzaga Neto et al. (2001) a frutificação das

goiabearas oriundas de sementes, começa no terceiro ano após o plantio no local definitivo, sendo esse o primeiro ciclo produtivo dessa população.

A produtividade é um dos principais critérios de seleção no melhoramento de plantas para a maioria das culturas. Devido a isso, trabalhos vêm sendo realizados com o objetivo de estabelecer métodos que permitam realizar uma seleção antecipada com maior segurança, para a característica desejada.

A Tabela 1 apresenta os resultados da análise de Deviance, para a primeira colheita, que foi obtida a partir frutos coletados de 100 plantas. Foram detectadas diferenças significativas entre os indivíduos a 1% de probabilidade para as características número total de frutos (NTF) e produção total de frutos (PTF), demonstrando a presença de variabilidade genética na população avaliada, que possibilita o sucesso na seleção de indivíduos promissores para futuras gerações de famílias endogâmicas, e obtenção de ganhos genéticos.

Tabela 1. Análise de Deviance para as características de produção total de frutos e número total de frutos de 10 famílias S₂ de *P. guajava* L, na primeira colheita.

Efeito	Número total de frutos		Produção total de frutos	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipos	549,84	24,71**	241,99	16,78**
Modelo completo	525,13		225,21	

** significativo a 1 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(X²): teste de razão de verossimilhança.

Na Tabela 2 são apresentados os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados via REML, para a primeira colheita das famílias endogâmicas S₂ de goiabeira.

Nos resultados dos componentes de variância, observa-se que a variância fenotípica foi desmembrada em variância genética entre famílias e variância residual (Tabela 2). Com base nas estimativas dos componentes de variância, é possível destacar que a contribuição da variância genotípica foi moderada, baseando nos valores de porcentagem, podemos observar 21% e 18% para NTF e PTF, respectivamente. As famílias avaliadas apresentam alta variabilidade genética para essas características.

A variância residual foi predominante sobre a variância genotípica, com 61% para NTF e 64% para PTF, esses valores elevados são devidos as variáveis analisadas serem quantitativas e em geral controladas por vários genes e altamente influenciadas pelo ambiente (Atroch et al., 2013).

O C^2_{parc} quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, onde estimativas de até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (Resende, 2002). Os valores obtidos na primeira colheita foram de 9% e 9% para NTF e PTF, respectivamente. Esses baixos valores de C^2_{parc} indicam que houve uma baixa variabilidade ambiental entre as parcelas dentro de bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente aos objetivos propostos das análises.

Os valores de herdabilidade foram consideradas de média magnitude (0,21 e 0,17, para NTF e PTF, respectivamente). De acordo com Resende (2002) as herdabilidades podem ser consideradas baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e de alta magnitude ($h > 0,50$). Os valores de herdabilidade mais baixos obtidos na primeira colheita, podem ter sido ocasionados pelos altos valores de variância residual, pois o ambiente exerce alta influência em características relacionadas à produção (Farias Neto e Resende, 2001). Valores de herdabilidade de baixa e média magnitude são esperados, principalmente por se tratar de espécies perenes, suscetíveis a variações climáticas ao longo dos anos.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância: (σ_g^2) variância genética entre famílias, (σ_e^2) variância residual, (σ_f^2) variância fenotípica, (C^2_{parc}) coeficiente de determinação dos efeitos de parcela e (h^2_a) herdabilidade individual no sentido restrito, obtidas pelo procedimento REML para duas características avaliadas em 100 plantas de 10 famílias S_2 de *P. guajava* L.

Variáveis	σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	C^2_{par}	h^2_a	Média Geral
Número total de frutos	22,98	65,29	106,93	0,087	0,21	8,13
Produção total de frutos	0,82	3,01	4,70	0,091	0,17	1,83*

*Kg/planta.

A média de produção total de frutos de todas as famílias foi de 1,83 kg. A família 5, foi a que apresentou a maior produção, com média próxima a 5 kg e o maior número de indivíduos produzindo (21 plantas), seguido da família 6, com uma média de produção de 3 kg/planta com 18 plantas produzindo (Figura 2).

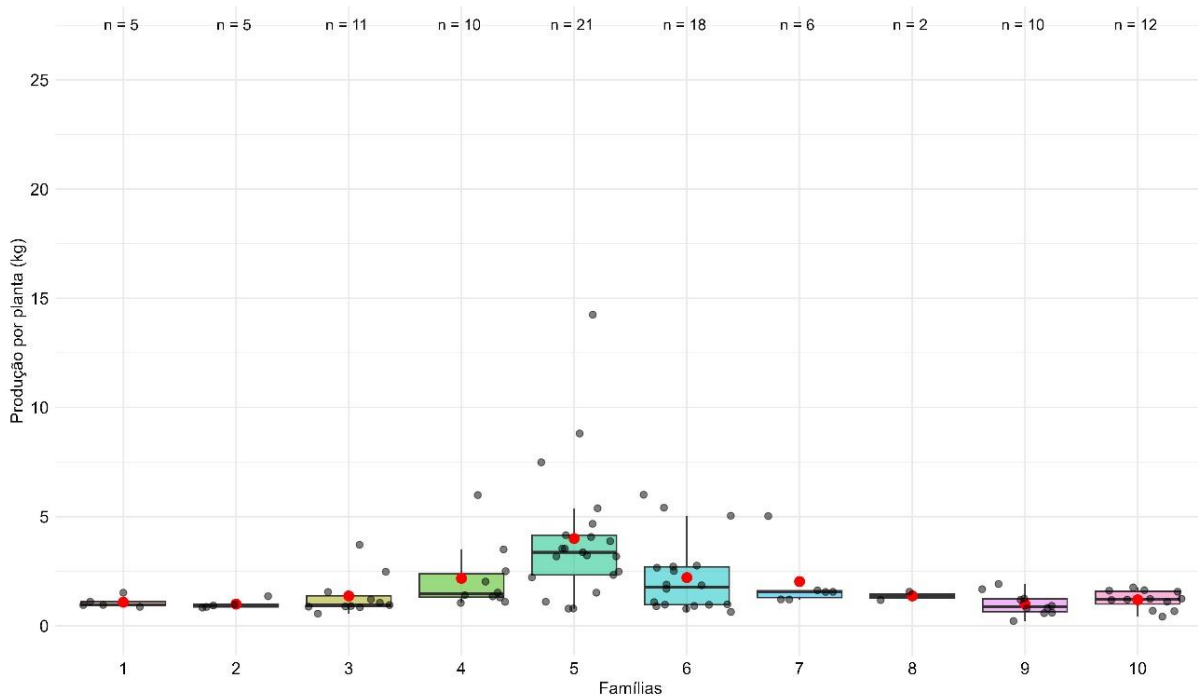


Figura 2. Gráfico de produção total (Kg/planta) de goiabas das famílias S₂ na primeira safra. Legenda: n= número de plantas.

A média de número de frutos por planta foi de 8,13. Na Figura 3, podemos observar que plantas da família 5 produziram acima de 50 frutos/planta, mas, de modo geral, grande maioria das plantas produziram menos que 50 frutos/planta.

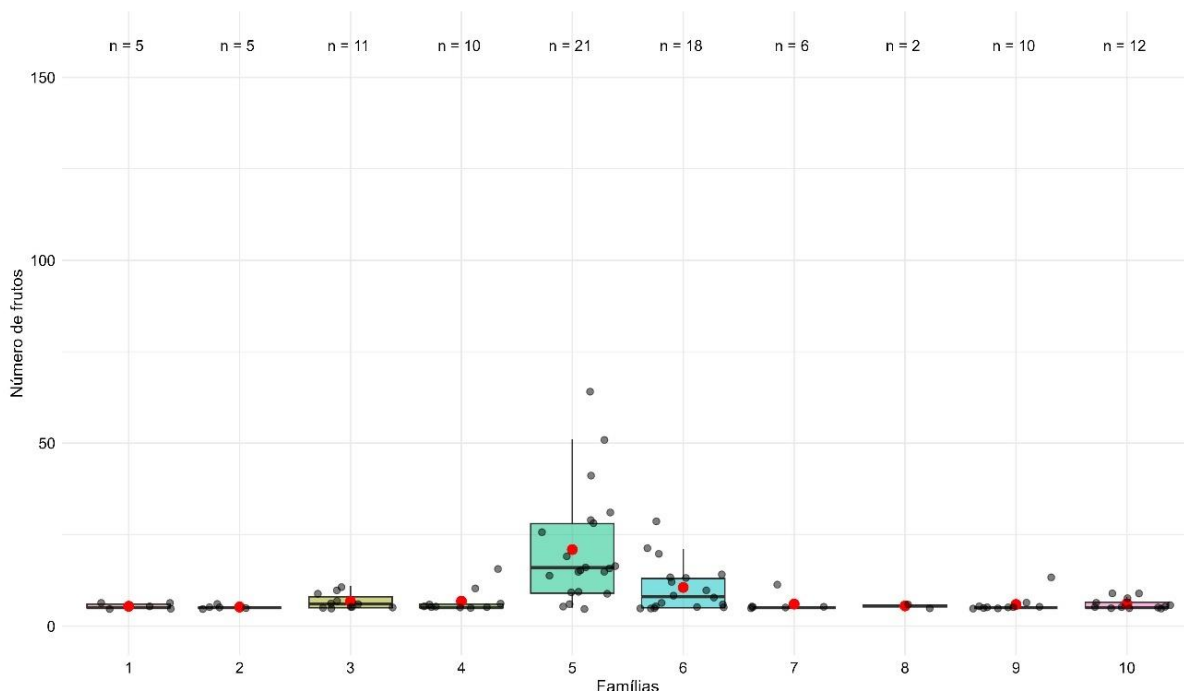


Figura 3. Número de frutos por planta, na primeira safra das famílias endogâmicas S₂.

Baixas produtividades eram esperadas, pois é o primeiro ciclo produtivo das plantas, e a frutificação das goiabeiras oriundas de sementes, começa efetivamente no terceiro ano após o plantio no local definitivo.

Para fins de seleção, dos 100 indivíduos avaliados na primeira colheita, foram escolhidos os 30 melhores indivíduos em cada uma das características avaliadas (Tabela 3). De acordo com a seleção dos genótipos para as características avaliadas, foi possível obter ganhos para NTF e PTF na seleção, via estimativas dos BLUPs individuais.

Para a característica número total de frutos, os ganhos variaram de 13,6 a 8,5. Já os ganhos para produção total de frutos, variou de 2,346 kg a 1,440 kg. Os indivíduos que apresentaram melhor desempenho para número total de frutos, foram: 194, 285, 195, 283 e 284, todos pertencentes a família 5, para produção total de frutos, as plantas que apresentaram melhor desempenho, foram: 194, 195, 285, 281 e 193, todos também da família 5.

Dentre os 30 selecionados para número total de frutos, 21 pertencem a família 5 e 9 a família 6. Já para produção total de frutos, 21 plantas pertencem a família 5, 6 plantas a família 6 e 2 plantas a família 4 e 1 planta a família 7. Houve diferença entre as famílias selecionadas para número de frutos e para produção. Isso pode ocorrer, pois plantas que produzem frutos com maior massa, produzem menor número de

frutos, mas ainda apresentam maior produção. Já plantas que apresentam maior número de frutos, podem produzir frutos menores em peso e tamanho, pois as reservas disponíveis seriam usadas para o enchimento de maior número de frutos limitando o tamanho deles (Gonzaga Neto et al., 1987).

Tabela 3. Estimativas de ganho genético considerando os 30 melhores indivíduos para as características número de frutos e produção total de frutos das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliadas na primeira safra.

Número total de frutos					Produção total de frutos (kg)			
Ordem	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho
1	194	5	21,7	13,6	194	5	4,176	2,346
2	285	5	21,3	13,2	195	5	4,051	2,221
3	195	5	21,1	12,9	285	5	4,001	2,171
4	283	5	20,7	12,6	281	5	3,951	2,121
5	284	5	20,5	12,4	193	5	3,908	2,078
6	281	5	20,4	12,3	284	5	3,877	2,047
7	288	5	20,3	12,2	192	5	3,853	2,023
8	193	5	20,1	12,0	283	5	3,835	2,005
9	48	5	20,0	11,8	191	5	3,821	1,991
10	192	5	19,9	11,7	41	5	3,809	1,979
11	198	5	19,8	11,7	48	5	3,798	1,968
12	199	5	19,7	11,6	197	5	3,787	1,957
13	41	5	19,7	11,5	288	5	3,778	1,948
14	191	5	19,6	11,5	198	5	3,770	1,940
15	197	5	19,6	11,4	199	5	3,764	1,933
16	42	5	19,5	11,4	196	5	3,755	1,925
17	282	5	19,5	11,3	42	5	3,748	1,917
18	196	5	19,4	11,2	282	5	3,740	1,910
19	44	5	19,4	11,2	44	5	3,732	1,902
20	287	5	19,3	11,2	287	5	3,725	1,895
21	289	5	19,3	11,1	289	5	3,719	1,889
22	174	6	18,9	10,7	53	6	3,655	1,825

23	53	6	18,5	10,4	174	6	3,595	1,765
24	59	6	18,2	10,1	130	4	3,540	1,710
25	57	6	17,9	9,8	59	6	3,489	1,659
26	179	6	17,6	9,5	266	7	3,439	1,609
27	222	6	17,4	9,2	222	6	3,393	1,563
28	227	6	17,1	8,9	31	4	3,349	1,519
29	175	6	16,8	8,7	175	6	3,308	1,478
30	54	6	16,6	8,5	179	6	3,270	1,440
*M.O.			10,03				2,100	
*M.S.			75,8				3,721	

*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 número de frutos por planta e produção total de frutos.

Dentre os 30 indivíduos selecionados, os indivíduos 194, 195 e 285 foram os melhores para NTF e PTF (Tabela 3). 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).

A Tabela 4 apresenta os resultados da análise de Deviance, que foi obtida através dos frutos coletados de 153 plantas, na segunda safra da cultura. Foram detectadas diferenças significativas entre os indivíduos em 1% de probabilidade para as características número total de frutos e produção total de frutos, demonstrando a presença de variabilidade genética na população avaliada, que possibilita o sucesso na seleção de indivíduos promissores para futuras gerações de famílias endogâmicas, e obtenção de ganhos genéticos.

Tabela 4. Análise de Deviance para as características de produção total de frutos e número total de frutos de 10 famílias S₂ de *P. guajava* L, na segunda safra.

Efeito	Número total de frutos		Produção total de frutos	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipos	1148,20	84,15**	592,92	75,71**
Modelo completo	1064,05		517,21	

** significativo a 1 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(X²): teste de razão de verossimilhança.

Nos resultados dos componentes de variância, observa-se que a variância fenotípica foi desmembrada em variância genética entre famílias, variância residual (Tabela 5). Observou-se que pelos valores de variância genética (σ_g^2) do número total de frutos (253,66) e produção total de frutos (5,92), as famílias avaliadas apresentam alta variabilidade genética em relação a esses caracteres. Deste modo, o conhecimento da variância genotípica tem muita importância para programas de melhoramento, por indicar a amplitude de variação genética de um caráter, tendo em vista a possibilidade do seu melhoramento (Cruz et al., 2014).

Observa-se que para as duas características estudadas, a contribuição da variação residual (σ_e^2) foi superior à da variância genotípica. Assim, é importante ressaltar que a variação ambiental exerce uma influência significativa na precisão do experimento. É conhecido que em relação as características controladas por múltiplos genes, estas são amplamente afetadas pelas condições do meio ambiente, e geralmente, uma variação ambiental é evidenciada pelos valores mais elevados em relação aos outros componentes de variância, especialmente a variância genotípica entre as famílias (Tabela 5), o que resulta em desafios na seleção e, consequentemente, requer métodos estatísticos mais sofisticados e precisos para essa finalidade (Yokomizo et al., 2017).

O coeficiente de determinação dos efeitos da parcela (C^2_{parc}) foi de baixa magnitude para número total de frutos e peso total de frutos (7 e 7%, respectivamente) (Tabela 5). O C^2_{parc} quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, sendo que estimativas de até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (Resende, 2002). Baixos valores de C^2_{parc} revelam que pequena variação ambiental permaneceu dentro das parcelas, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente aos objetivos propostos das análises.

Tabela 5. Estimativas de componentes de variância: (σ_g^2) variância genética entre famílias, (σ_e^2) variância residual, (σ_f^2) variância fenotípica e (C^2_{parc}) coeficiente de determinação dos efeitos de parcela, obtidas pelo procedimento REML para duas características avaliadas em 153 plantas de 10 famílias S₂ de *P. guajava* L, na segunda safra.

Variáveis	σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	C^2_{par}
Número total de frutos	253,66	354,73	709,75	0,071
Produção total de frutos	5,92	9,31	17,90	0,074

Analisando os dados de produção e de número de frutos (Tabela 6), pode-se observar que a média de produção e de número de frutos dos 153 indivíduos avaliados, foi de 14,9 frutos/planta e 2,065 kg/planta.

Para os 30 indivíduos selecionados a média de produção foi de 9,094 kg/planta e de 57,9 frutos por planta, com ganho de seleção de 82% e 103%, respectivamente (Tabela 6).

Os coeficientes de herdabilidade variaram de 33% para produção e 36% para número de frutos (Tabela 6). De acordo com o Resende (2007) esses valores podem ser considerados de média a alta magnitude, o que é importante, pois, quando se emprega a autofecundação, uma herdabilidade alta em gerações iniciais remete à eficiência na seleção.

Outro parâmetro importante e que deve ser considerado para avaliação da qualidade experimental é a acurácia seletiva. Ela reflete a qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. Essa medida está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros das progênies (Pimentel et al., 2014). Para os dois caracteres, a estimativa foi de alta magnitude (0,77 e 0,76 para número de frutos e produção, respectivamente), pois Resende e Duarte (2007) classificam esta estatística como muito alta ($\text{Acurácia} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq \text{Acurácia} \leq 0,90$), moderada ($0,50 \leq \text{Acurácia} \leq 0,70$) e baixa ($\text{Acurácia} \leq 0,50$).

Foi realizada uma seleção preliminar dos indivíduos mais promissores, que podem ser levados ao próximo ciclo, onde foram selecionados 30 indivíduos para as características avaliadas, que apresentaram médias superiores dentre os 153 avaliados. Com a seleção desses indivíduos foi gerada uma pressão de seleção de 10% para as duas características estudadas, e um ganho de seleção de 103 % e 82% para número de frutos e produção, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6. Médias e parâmetros genéticos estimados para os caracteres referentes à número de frutos e produção em progênies S₂ de goiabeira, na segunda safra.

Parâmetros	Número de Frutos	Produção (kg)
Média dos selecionados	57,9	9,094
Média da população	14,9	2,065
Diferencial de seleção	43,0	6,477
Herdabilidade (%)	36	33
Pressão de seleção (%)	10	10
Ganho de seleção (%)	103	82
Acurácia	0,77	0,76

Na figura 4, pode-se observar a produção total de cada planta por família. A família 5 foi a que teve o maior número de indivíduos em produção ($n=28$), com a produção média por planta de 8,87 kg por planta. Seguido pela família 3, com produção média de 1,886 kg/planta, com 14 indivíduos produzindo. As famílias 2, 4 e 8 apresentaram uma produção média e 1,426 kg, 1,524 kg e 1,571 kg por planta, respectivamente, e com número de plantas por família variando de 12 a 24. As demais famílias (1,6,7,9 e 10) obtiveram uma produção média por planta variando de 0,519 a 0,921 kg.

Pode-se observar em todas as famílias, que mais de 50% dos indivíduos apresentaram produção de frutos próximo a média.

A família 5 foi responsável pela maior produção, as 28 plantas produziram 248,58 kg, seguido pela família 3, que 14 indivíduos produziram 28,96 kg, as famílias 2 e 4 apresentaram produções próximas, de 34,22kg e 28,96kg, respectivamente. Nas demais famílias (1,6,7,8,9 e 10) as produções variaram de 5,19 a 18,85 kg/família.

Em artigos publicados sobre a produção da goiabeira, podemos encontrar dados para que seja realizada a comparação do potencial produtivo das famílias avaliadas nesse ensaio. De acordo com Gonzaga Neto et al. (2001) a primeira safra da goiabeira 'Paluma', que pode ocorrer de 12 a 14 meses após o plantio no campo, pode atingir até 15 kg de fruto por planta.

Levando em consideração que as cultivares comerciais são plantas proveniente de clones de plantas já adultas, e as famílias endogâmicas são plantas obtidas através de sementes, podemos destacar que as famílias S_2 possuem potencial produtivo para se igualar as cultivares comerciais, visto que algumas famílias já apresentam produção por planta próximos aos valores observados na cv. 'Paluma'.

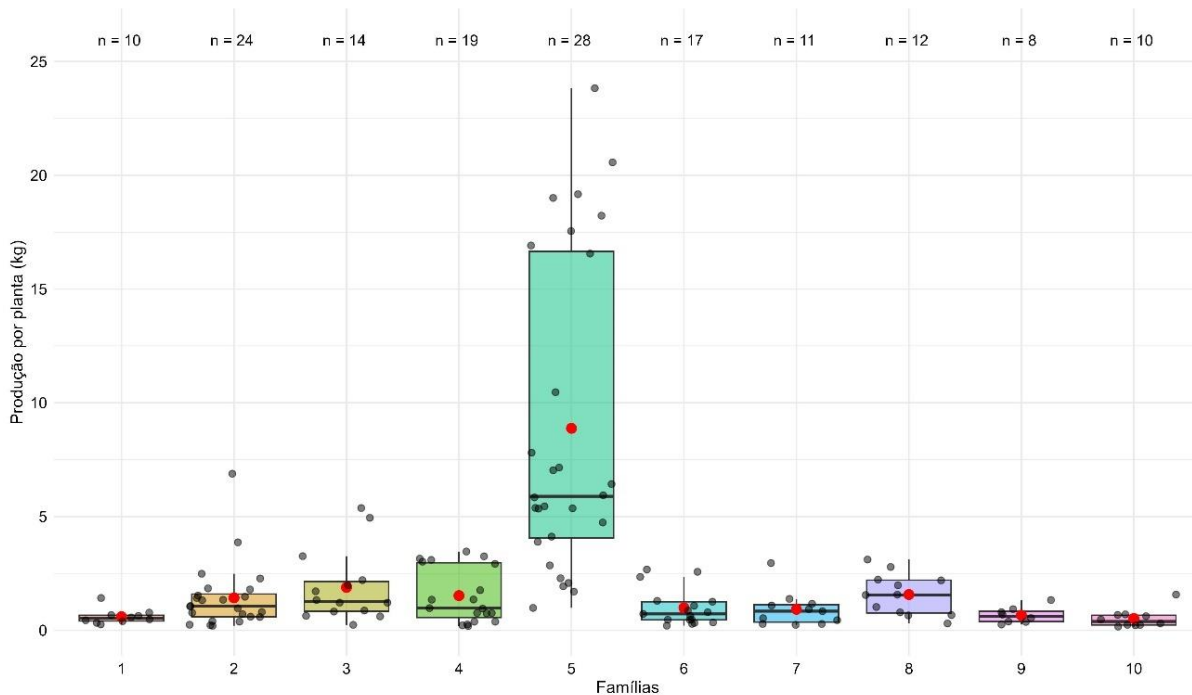


Figura 4. Gráfico de produção total (Kg/planta) de goiabas das famílias S₂. Legenda: n= número de plantas.

Na Figura 5, pode-se observar o número de frutos que cada planta de cada família produziu. A família 5 foi a responsável pelo maior número de frutos produzidos, as 28 plantas juntas produziram 1567 frutos, com a média de 56 frutos por planta. As famílias 2,3,4 e 8 produziram 220, 123, 113 e 85 frutos, respectivamente, com a média de frutos por planta variando de 7 a 9. As demais famílias produziram uma média de 3 frutos por planta.

A cultivar 'Paluma' produz em média 188 frutos por planta, ao comparar com a produção obtidas nas famílias S₂, o potencial produtivo é inferior, mas já era esperado, pois é o primeiro ciclo produtivo das plantas. E de acordo com Garcia et al. (2020), a goiabeira atinge a produtividade máxima no décimo ano de produção, demonstrando que o aumento do número de frutos é esperado.

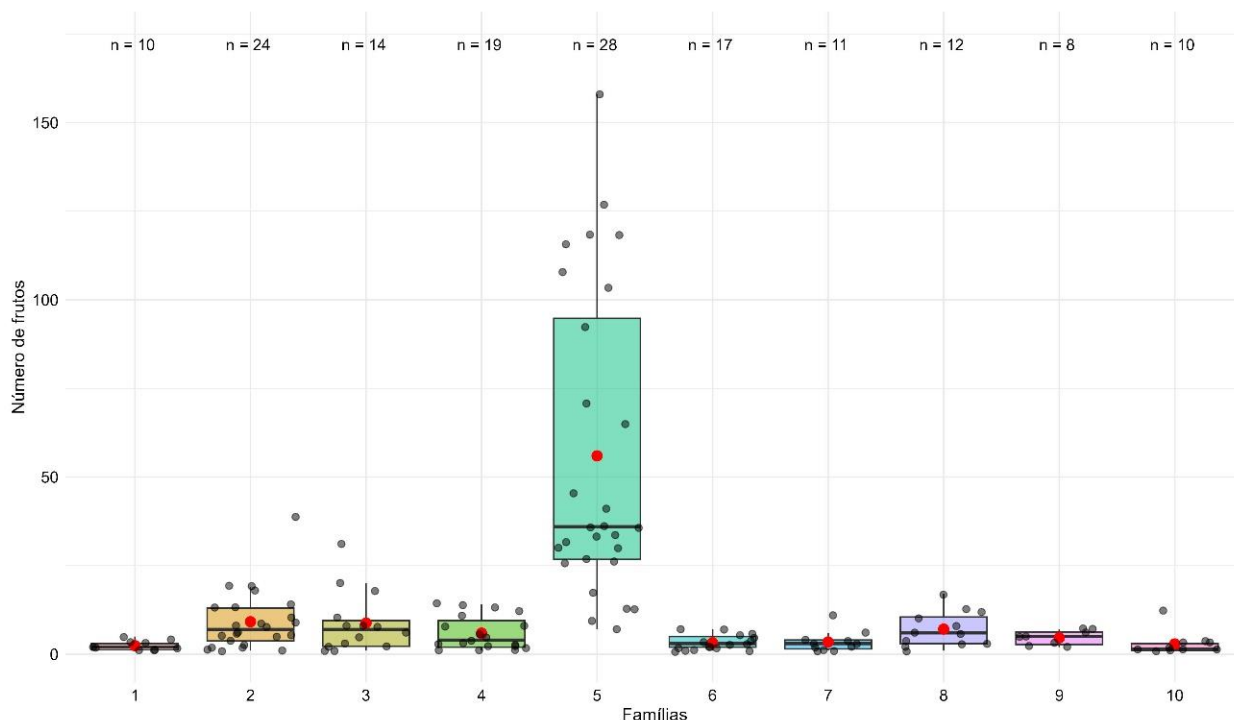


Figura 5. Número de frutos por planta, na segunda safra das famílias endogâmicas S_2 . Legenda: n= número de plantas.

A seleção preliminar das plantas que irão compor a população de famílias endogâmicas (S_3) foi realizada através da predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP), que resultou em um processo de seleção mais acurado.

A metodologia REML / BLUP fornece a ordenação dos indivíduos potenciais para seleção, considerando cada característica analisada separadamente (Resende e Duarte, 2007).

Para fins de seleção de plantas que irão compor a próxima população de famílias endogâmicas, foram selecionadas as 30 melhores plantas, dentre as 153 avaliadas. Para número total de frutos os ganhos variaram de 54,1 a 40,1 e para produção total de frutos de 7,955 a 6,103 kg. Dentre os 30 selecionados para número total de frutos, 28 pertencem a família 5, 1 a família 3 e 1 a família 2. Já para produção total de frutos, 28 plantas pertencem a família 5 e 2 plantas a família 3 (Tabela 7).

Tabela 7. Estimativas de ganho genético considerando os 30 melhores indivíduos para as características número de frutos e produção total de frutos das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliados na segunda safra.

Ordem	Número total de frutos				Produção total de frutos (g)			
	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho
1	194	5	65,4	54,1	194	5	10,020	7,955
2	197	5	63,6	52,3	197	5	9,848	7,782
3	283	5	62,6	51,3	283	5	9,766	7,701
4	195	5	62,9	50,8	199	5	9,706	7,641
5	199	5	61,8	50,5	195	5	9,667	7,602
6	193	5	61,6	50,3	281	5	9,633	7,568
7	281	5	61,4	50,1	193	5	9,593	7,528
8	196	5	60,9	49,6	196	5	9,550	7,485
9	46	5	60,4	49,1	285	5	9,464	7,399
10	285	5	59,9	48,6	46	5	9,372	7,307
11	45	5	59,4	48,0	45	5	9,290	7,225
12	41	5	58,8	47,5	41	5	9,216	7,150
13	42	5	58,3	47,0	284	5	9,145	7,079
14	282	5	57,9	46,5	42	5	9,084	7,019

15	284	5	57,5	46,2	282	5	9,031	6,966
16	44	5	57,1	45,8	44	5	8,984	6,919
17	287	5	56,8	45,5	286	5	8,941	6,875
18	288	5	56,4	45,1	192	5	8,901	6,836
19	286	5	56,2	44,8	287	5	8,867	6,801
20	290	5	55,9	44,6	288	5	8,827	6,762
21	192	5	55,7	44,4	43	5	8,789	6,723
22	200	5	55,5	44,1	200	5	8,753	6,687
23	191	5	55,2	43,9	48	5	8,717	6,652
24	43	5	55,0	43,7	191	5	8,684	6,619
25	47	5	54,8	43,5	47	5	8,653	6,588
26	48	5	54,6	43,3	290	5	8,625	6,559
27	49	5	54,4	43,1	49	5	8,597	6,533
28	289	5	54,2	42,8	289	5	8,568	6,503
29	27	3	52,8	41,5	27	3	8,362	6,297
30	19	2	51,4	40,1	21	3	8,168	6,103
*M.O.			14,9				2,617	
*M.S.			57,9				9,094	

*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 número de frutos por planta e produção total de frutos.

Pode-se observar que em ambas as safras, que as características avaliadas nos indivíduos selecionados, apresentaram ganhos superiores em relação à média original. Indicando que os 30 indivíduos selecionados se destacam como promissores para as próximas etapas do programa de famílias endogâmicas.

Observou-se que dentre as 30 plantas que foram selecionadas na primeira safra e as 30 plantas selecionadas na segunda safra, para as características de número de frutos e produção total de frutos, houve um índice de coincidência de 63% e 55%, respectivamente.

A metodologia REML/BLUP mais uma vez se mostrou eficiente, tendo selecionado indivíduos com desempenhos elevados, ganhos genéticos preditos promissores, que fornecem alelos favoráveis para compor a fase de recombinação da seleção recorrente.

Para conhecer o real potencial dos indivíduos, é necessário avaliar o mesmo indivíduo por diversos anos. As famílias endogâmicas S_2 foram avaliadas por duas safras e dentre a população de 300 plantas, apenas 63 plantas produziram nas duas safras. As plantas apresentaram uma média de produção de 3,350 kg e 22,5 frutos.

Com isso, a significância dos efeitos genotípicos estimados foi avaliada por meio da análise de Deviance (Tabela 8). Não foram detectadas diferenças significativas entre os indivíduos para as duas características NFT e PTF. Já para parcela, foram observadas diferenças significativas a 5% de probabilidade para as duas características avaliadas, revelando que existe uma variação ambiental dentro das parcelas e que a seleção individual deve ser realizada para as características, considerando os melhores indivíduos, com base no seu valor genético.

Tabela 8. Análise de deviance para as características de número total de frutos (NTF) e produção total de frutos (PTF) em famílias endogâmicas S₂ de *P. guajava* L., avaliadas em duas safras.

Efeito	Número total de frutos		Produção total de frutos	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Indivíduos	883,39	0,42 ^{ns}	436,66	0,38 ^{ns}
Parcela	916,68	33,71**	442,59	6,3*
Modelo completo	882,97		436,29	

ns: não significativo, *significativo a 5 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado, LRT(X²): 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.

A contribuição da variância genética aditiva (σ^2_{at}), para as características número de frutos (10%) e produção total de frutos (9%) (Tabela 9), foi considerada baixa, com predominância dos efeitos ambientais, principalmente os efeitos residuais. Os altos valores de variância residual, sugerem a influência de fatores não genéticos ao longo das duas safras. O predomínio dos efeitos ambientais pode ser atribuído à natureza dos caracteres avaliados neste estudo, que são caracteres governados por múltiplos genes, e que são amplamente afetados pelas condições ambientais. 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,

Ao considerar a herdabilidade com base na média das parcelas (h^2_a) observam-se valores de baixa magnitude para número de frutos (0,09) e produção total (0,08) (Tabela 9). Em relação à herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_{atc}), foram observados valores de média magnitude para número de frutos (0,18) e produção total de frutos (0,19), De acordo com a classificação descrita por Resende (2002), a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando h^2 é <0,15, média magnitude, quando fica entre 0,15 e 0,50 e alta magnitude, quando é >0,50.

Dentre as herdabilidades, a herdabilidade no sentido restrito é a mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração.

Essas estimativas sugerem um ganho de seleção baixo para essas características, indicando que, por meio de autofecundações, essas características podem ser transmitidas de uma geração para outra. Este estudo avaliou duas colheitas, e através dos dados obtidos podemos observar que é necessário aumentar o número de colheitas avaliadas para obter estimativas mais corretas.

Herdabilidades de baixa e moderada magnitude também foram observadas em outros estudos com plantas perenes, como o açazeiro (0,12) (Neto et al., 2011), pinhão-manso (0,15) (Laviola et al., 2016), pinheira (0,08) (Porto, 2021). Deve-se ressaltar que valores de herdabilidade de baixa magnitude são esperados em estudos envolvendo características quantitativas, como número de frutos e produção, de espécies perenes (Resende, 2009).

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (C^2_{parc}), dos efeitos permanentes (C^2_{perm}), dos efeitos da interação progênies x colheitas (C^2_{int}), foram de alta magnitude, com valores variando entre 11 e 21%, para as duas características estudadas, em razão disso, pode-se inferir que houve grande variação ambiental entre parcelas, podendo as estimativas dos parâmetros genéticos terem sofrido influência (Pimentel et al., 2014).

Tabela 9. Componentes de variância obtidos pelo REML individual para número de frutos por planta (NF) e produção total de frutos (PTF) de famílias endogâmicas de *P. guajava* avaliadas em duas safras.

Parâmetros genéticos	NFT	%	PTF (Kg)	%
σ^2 at	62,82	10	1,57	9
σ^2 parc	74,24	12	2,42	14
σ^2 perm	80,68	13	2,87	17
σ^2 int	132,93	21	3,29	20
σ^2 bloco	1,02	0,16	0,03	0,19
σ^2 e	277,53	45	6,76	40
σ^2 f	620,26		16,74	
h^2 a	0,087		0,08	
h^2 atc	0,184		0,19	
C ² parc	0,119		0,14	
C ² perm	0,130		0,17	
C ² int	0,214		0,19	
C ² bloc	0,001		0,001	
r	0,338		0,39	
Rgmed	0,288		0,29	
Média Geral	11,03		2,21	

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. C² parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela. C² perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanente. C² int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x colheitas. C² bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco. Rgmed: correlação genotípica entre o desempenho das progênes nas duas safras. e r: coeficiente de repetibilidade individual.

Para as duas variáveis estudadas, as correlações genéticas entre as medições (Rgmed) foi de 33% para número de frutos e 39% para produção total (Tabela 9). Esse valor é considerado de baixa magnitude, indicando níveis de interação complexa. Portanto, a classificação dos genótipos nos diferentes anos não são a mesma, ou seja, as famílias não tiveram o mesmo comportamento nos diversos anos avaliados. Assim, uma família classificada como de ótima produtividade em um determinado ano, não necessariamente será no outro (Soares et al., 2009).

Em relação ao coeficiente de repetibilidade (r) baseado nas duas medições, os valores observados foram de média magnitude para número de frutos (0,34) e produção total (0,39) (Tabela 9). 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 $r \geq 0,60$. Ambas as características avaliadas, apresentaram valores medianos para a estimativa de repetibilidade, porém com valores próximos aos de baixa magnitude, onde mais colheitas são necessárias para a seleção de indivíduos superiores. Segundo Almeida (2017) são necessárias várias avaliações em espécies perenes, principalmente quando se trata de caracteres referentes à produtividade, para que a seleção de indivíduos seja realizada de forma segura.

Quando se analisa as duas colheitas, os indivíduos que apresentaram melhor desempenho para as duas características avaliadas, foram: 194, 283, 281, 195 e 285 (Tabela 10). Sendo o indivíduo 194 (família 5) o que apresentou maior número de frutos e produção total de frutos.

Tabela 10. Estimativas de ganho genético considerando os 5 melhores indivíduos para as características número de frutos e produção total de frutos das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava* L., avaliados nas duas safras.

Ordem	Número total de frutos				Produção total de frutos (Kg)			
	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho	Genótipos	Família	Nova Média	Ganho
1	194	5	23,75	12,72	194	5	4,120	1,904
2	283	5	23,27	12,24	281	5	4,046	1,830
3	281	5	23,06	12,03	283	5	4,017	1,801
4	195	5	22,91	11,88	195	5	3,997	1,781
5	285	5	22,79	11,76	285	5	3,976	1,760

Na tabela 11 podemos observar as 5 melhores famílias, que se destacaram nas duas safras. Sendo a família 5 com o maior ganho.

Ao comparar os ganhos obtidos por indivíduos e por família, podemos observar que os ganhos individuais foram superiores aos ganhos obtidos por família. Assim, a seleção baseada em indivíduos apresenta maior eficiência do que a seleção por família, devido à ampla variabilidade observada dentro das famílias.

Tabela 11. Estimativas de ganho genético considerando as 5 melhores famílias para as características número de frutos e produção total de frutos das melhores famílias endogâmicas de *P. guajava*, avaliados nas duas safras.

Número total de frutos				Produção total de frutos (Kg)		
Ordem	Família	Nova média	Ganho	Família	Nova média	Ganho
1	5	21,44	10,41	5	3,777	1,562
2	3	15,99	4,96	3	2,978	0,763
3	8	14,08	3,05	8	2,710	0,495
4	9	13,10	2,07	4	2,574	0,358
5	4	12,46	1,43	7	2,487	0,271

Recomenda-se então, através dos resultados obtidos nesse trabalho, que sejam realizadas mais medições, para que os coeficientes de repetibilidade fiquem próximos ou superiores a 0,6, obtendo-se assim, maior confiabilidade nos resultados.

CONCLUSÃO

As famílias 5, 3, 8, 4, 9 e 7 são indicadas como as melhores, pois foram promissoras para número de frutos e produção total frutos.

Os indivíduos pertencentes a essas famílias foram selecionados e autofecundados para a obtenção das famílias S₃, possibilitando assim a continuidade do programa em desenvolvimento.

A baixa repetibilidade observada para as características avaliadas, sugere a necessidade de um maior número de avaliações para assegurar resultados mais confiáveis.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Atroch, A. L.; Filho, F. J. do N.; Resende, M. D. V. De. (2013) Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal. *Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 56: 347–352.
- Ambrósio, M., Viana, A. P., Ribeiro, R. M., Preisigke, S. C., Cavalcante, N. R., Silva, F. A. D., Sousa, C. M. B. D. (2020) Genotypic superiority of *Psidium Guajava* S₁ families using mixed modeling for truncated and simultaneous selection. *Scientia Agricola*, 78: e20190179.
- 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*, 12 (1): 22367.
- Ambrósio, M., Viana, A. P., Cavalcante, N. R., Preisigke, S. D. C., Santana, J. G. S., & Crevelari, J. A. (2023) Estimativas do coeficiente de repetibilidade, estabilidade e adaptabilidade em progênies S 1 de *Psidium guajava* via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 45: e502.
- Cavalcante, N. R., Viana, A. P., Almeida Filho, J. E., Pereira, M. G., Ambrósio, M., Santos, E. D., Sousa, C. M. B. (2019) Novel selection strategy for half-sib families of sour passion fruit *Passiflora edulis* (Passifloraceae) under recurrent selection. *Genetics and Molecular Research*, 18: 2.
- Cruz, C.D., Regazzi A.J., Carneiro P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV: 514p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª. ed. Viçosa: UFV, v.2, 668p.
- Farias Neto, J. T., Resende, M. D. V. (2001) Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*) *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23(2): 320-324.

Farias Neto, J. T. D., Resende, M. D. V. D., Oliveira, M. D. S. P. D. (2011) Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33 (2): 532-539.

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

Garcia, D. M., Costa, A. F., Galeano, E. A. V., Bárbara, W. P. F., Egger, V. A., Paulini Junior, I. J., Rossi, D. A., Piassi, M. (2020) Análise de custos de produção da goiabeira (*Psidium guajava* L.) em Venda Nova do Imigrante, ES. Autor/editor (COSTA, A. F.). In: *Custos na agricultura da região serrana do Espírito Santo*. São Carlos: Pedro & João Editores, 127p.

Gonzaga Neto, L., Abramof, L., Bezerra, J.E.F., Pedrosa, A.C., Silva, H.M. (1987) Seleção de cultivares de goiabeira (*Psidium guajava* L.) para consumo ao natural, na Região do Vale do Rio Moxotó, em Ibibimirim-Pernambuco. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 9:63-66.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2022) Produção agropecuária: Goiaba. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/goiaba/br>>. Acesso 05 de abril de 2024.

Laviola, B., Teodoro, P., Rodrigues, E., Costa, R., Falcao, R., da Costa, L. T., & Marana, J. (2016) Estabilidade produtiva de genótipos de pinhão-mansão via modelo misto. *Anais do Congresso Da Rede Brasileira De Tecnologia De Biodiesel*, Natal, RN. Lavras: UFLA, 6: 303-304

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., López García, A.E.B., Leite, R.S.S.F. (eds.) *Goiaba: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos*. 2ª.ed. revisada. e ampliada. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, ITAL, Frutas Tropicais, 6: 01-119.

Mendes, D. S., Viana, A. P., Santos, E. A., Cavalcante, N. R., Rodrigues, C. A., Lima, J. A., Santos, H. A. (2022) Genetic gains in *Passiflora* for resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus using recurrent selection. *Euphytica*, 218: 132.

Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Junior, A. T. (2017) Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39 (2): 859-866

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

Pessanha, P.G.O., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T., Souza, R.M., Teixeira, M.C., Pereira, M.G. (2011) Assessment of genetic diversity in access to *Psidium* spp. via RAPD markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33: 129-136.

Pereira, T. B., Carvalho, J. P. F., Botelho, C. E., Resende, M. D. V., Rezende, J. C., Mendes, A. N. G. (2013) Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72 (3): 230-236.

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*, 49: 882-890.

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.

Porto, B, B, A. (2021) Estratégias de seleção em progênies de meios-irmãos em *Annona squamosa* L. Doutorado em Produção Vegetal – Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, Montes Claros, MG, 54p.

Soares, A. A., Santos, V. B., Resende, M. D. V. de, Reis, M. de S., Cornelio, V. M. de O., Leite, N. A., Soares, P. C. (2009) Avaliação genotípica de linhagens testadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de arroz de terras altas, utilizando modelo misto, In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, Porto Alegre. Estresses e sustentabilidade: desafios para a lavoura arrozeira, Porto Alegre: Sosbai, 2009.

3.2 Divergência genética em famílias endogâmicas S₂ de goiabeira (*Psidium guajava* L.)

RESUMO

Este estudo teve como objetivo avaliar a divergência genética entre 100 indivíduos de goiabeira (*Psidium guajava* L.) provenientes de 10 famílias endogâmicas S₂, por meio da técnica de Gower e do método de agrupamento UPGMA, visando compreender a variabilidade genética da população. O experimento foi conduzido entre janeiro e dezembro de 2022, na estação experimental localizada na Ilha Barra do Pomba, em Itaocara, estado do Rio de Janeiro. A pesquisa utilizou um delineamento experimental em blocos casualizados, com 10 famílias endogâmicas, três repetições e 10 plantas por parcela, totalizando 300 plantas. Foram avaliadas características morfoagronômicas e de produção de frutos, incluindo variáveis quantitativas, como o número de frutos e a produção total de frutos, além de 24 descritores qualitativos relacionados a características morfológicas das folhas, flores e frutos. A análise de divergência genética foi realizada utilizando o algoritmo de Gower para calcular a matriz de dissimilaridade, que levou em consideração tanto variáveis contínuas quanto categóricas. O agrupamento dos genótipos foi realizado pelo método UPGMA, que permitiu formar quatro grupos distintos, evidenciando a diversidade genética entre os indivíduos avaliados. O primeiro grupo, composto por 70 indivíduos, reuniu plantas com menor produtividade, enquanto o segundo grupo, com 20 indivíduos, apresentou maior variação na produção. O terceiro grupo contou com 7 indivíduos, e o quarto grupo foi o menor, formado por apenas 3 indivíduos da família 5, conhecidos por sua alta produtividade. Essa distribuição foi em grande parte influenciada pelas características de número e produção total de frutos, que foram as que mais contribuíram para a variabilidade genética da população, representando quase 50% da diversidade observada. Outras características, como a cor da casca do fruto e o diâmetro da cavidade do cálice, contribuíram com cerca de 5% da variação genética. O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0,93, indicando um bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado. O valor do CCC superior a 0,8 sugere que o agrupamento dos genótipos foi bem representado pelas distâncias genéticas calculadas, o que demonstra a eficácia do método UPGMA na análise da diversidade genética. A análise da importância relativa dos descritores revelou que

características como o número de frutos e a produção total foram as mais informativas, enquanto descritores como o espaçamento entre as nervuras das folhas e a textura da superfície dos frutos apresentaram baixa contribuição para a diferenciação dos genótipos, podendo ser descartadas para estudos futuros. Em conclusão, a análise de divergência genética com o uso dos métodos multivariados permitiu identificar grupos distintos de genótipos de goiabeira. A combinação das variáveis quantitativas e qualitativas foi fundamental para o sucesso da análise, permitindo a seleção de materiais com alto potencial para programas de melhoramento genético da cultura. O estudo contribui para o avanço da pesquisa sobre a goiabeira, fornecendo dados importantes para a escolha de genótipos superiores, promovendo a conservação e o uso eficiente dos recursos genéticos da espécie.

INTRODUÇÃO

A goiabeira, *P. guajava* L., pertencente à família Myrtaceae, que contém mais de 70 gêneros e 2.800 espécies. Sua origem abrange regiões tropicais americanas, desde o México até territórios da América do Sul, e é cultivada por muitos outros países de clima tropical e subtropical, permitindo assim a produção em todo o mundo (Salazar et al., 2006, Oliveira et al., 2012). O gênero *Psidium* apresenta cerca de 150 espécies, porém, apenas a espécie *P. guajava* apresenta interesse comercial, sendo as demais espécies consideradas fontes de alelos favoráveis para os programas de melhoramento da cultura.

Um dos aspectos de fundamental importância para o melhoramento de plantas visando a seleção de cultivares superiores é o estudo da divergência genética, pois permite conhecer a magnitude da variabilidade genética das populações, possibilitando o monitoramento de cruzamentos, autofecundações e a obtenção de informações viáveis à preservação e o uso dos recursos genéticos vegetais (Cruz et al., 2014). Em espécies perenes, como *P. guajava*, podem ser realizados com base em descritores morfológicos e agronômicos, características diretamente relacionadas à produção e ao mercado (Santos et al., 2010).

Para quantificação da diversidade genética, os métodos multivariados, em que diversos caracteres podem ser avaliados simultaneamente, têm contribuído efetivamente na identificação de genótipos a fim de serem utilizados em programas de melhoramento genético, permitindo assim concentrar esforços em genótipos promissores (Mohammadi e Prasanna, 2003, Cruz et al., 2012). Os métodos

multivariados, em sua maioria, são baseados em algoritmos, ou medidas de distância, que consideram simultaneamente inúmeras características e permite unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Vilela et al., 2008).

A primeira sugestão para o cálculo da distância entre duas observações foi proposta por Gower (1971). Esta técnica permite a análise simultânea de variáveis categóricas e contínuas por meio de um algoritmo que determina a similaridade entre dois indivíduos utilizando simultaneamente dados com distribuição contínua e discreta. Esse tipo de análise tem sido utilizado em trabalhos com espécies perenes como em mamão (Nobre et al., 2021), cana-de-açúcar (Bueno, 2021) physalis (Cunha et al., 2023).

Com isso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre 100 indivíduos das famílias endogâmicas S₂ de goiabeira por meio da técnica de Gower e o agrupamento UPGMA, como também quantificar a contribuição relativa dos caracteres.

MATERIAL E MÉTODOS

Área de estudo

O presente trabalho foi desenvolvido durante o período de janeiro a dezembro de 2022, na estação experimental situada na Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara, estado do Rio de Janeiro, nas coordenadas geográficas 21°40'S e 42°04'W, com uma altitude de 76 metros. 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).

Origem da população S₂

Essas famílias foram originadas a partir de 18 famílias S₁ 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 Itapaboana, localizado na região Noroeste Fluminense. 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 S₂, que foram avaliadas nesse estudo.

Em janeiro de 2020 foi realizado o plantio das mudas no campo, em um espaçamento de 4 m entre linhas e 1,5 m entre plantas. A calagem e as adubações de cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações do Boletim 100 – Recomendação de adubação e calagem para o Estado de São Paulo. A irrigação foi do tipo localizada por gotejamento.

Após 24 meses de plantio das 300 plantas do experimento, as mais precoces e produtivas foram avaliadas. Deste modo, 100 plantas (individuais) de goiabeira foram avaliadas por meio dos descritores definidos para a espécie *P. guajava*, conforme UPOV (1987) (International Union for the Protection of New Varieties of Plants) e descritos em Campos et al. (2013).

Delineamento Experimental

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 10 famílias endogâmicas, três repetições e 10 plantas por parcela, totalizando 300 plantas.

Tratos Culturais

Ao longo do desenvolvimento do experimento, foram realizadas podas e desbrotas, de acordo com a necessidade. A calagem e as adubações de plantio e cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações do Boletim 100 – Recomendação de adubação e calagem para o Estado de São Paulo. A irrigação utilizada foi do tipo localizada por gotejamento.

Características avaliadas

Para análise dos dados quantitativos, realizou-se a coleta de todos os frutos que a planta produziu. Os frutos foram colhidos durante a safra de 2022 no estágio 1 de maturação, cor da casca verde-escura (Azzolini et al., 2004). Foram avaliadas as seguintes variáveis quantitativas: a) Número de frutos, contagem de todos os frutos de cada indivíduo, do início ao fim da colheita; b) Produção total de frutos, foi realizada a pesagem de todos os frutos de cada indivíduo do início até o final da colheita.

Com relação aos dados multicategóricos foram utilizados 24 descritores qualitativos propostos pelo UPOV (1987). i) Ramos jovens: cor do caule; ii) Folhas:

nas folhas jovens foram avaliados a presença de antocianina e a sua intensidade na coloração. Nas folhas completamente desenvolvidas foram avaliadas a forma, curvatura na seção transversal e da nervura central, coloração, formato da base e do ápice. Foram avaliadas o comprimento, largura, relação comprimento/largura e o espaçamento entre as nervuras secundárias; iii) Flor: foram avaliados o número predominante de flores, o tamanho de flor, número de pétalas completamente desenvolvidas, a presença de pétalas estaminoides e o número de pétalas estaminoides; iv) Frutos: nos frutos foram avaliados o formato na extremidade peduncular, a cor da casca, textura da superfície do fruto, diâmetro da cavidade do cálice em relação ao diâmetro do fruto, cor da polpa, espessura da polpa externa em relação ao diâmetro do centro (Tabela 1).

Tabela 1. Tabela de descritores da goiabeira UPOV (1987).

Descritores	Classificação
Ramo jovem: cor	Verde
	Verde amarelada
	Avermelhada
	Vermelha escura
Folha jovem: coloração antocianínica	Ausente
	Presente
Folha jovem: intensidade da coloração antocianínica	Fraca
	Média
	Forte
Lâmina foliar: Comprimento	Curto
	Médio
	Longo
Lâmina foliar: Largura	Estreita
	Média
	Larga
Lâmina foliar: relação comprimento/largura	Baixa
	Média
	Alta

Lâmina foliar: formato	Arredondado
	Oval
	Oboval
	Lanceolado
	Oblanceolado
Lâmina foliar: formato da base	Oblongo
	Obtuso
	Arredondado
Lâmina foliar: formato do ápice	Cordado
	Acuminado
	Apiculado
	Agudo
	Obtuso
Lâmina foliar: cor	Arredondado
	Verde amarelada
	Verde acizentada
	Verde
Lâmina foliar: curvatura da nervura central	Verde escura
	Ausente
Lâmina foliar: curvatura na seção transversal	Presente
	Fraca
	Média
Lâmina foliar: espaçamento entre nervuras	Forte
	Pequeno
	Médio
Inflorescência: número predominante de flores	Grande
	Um
	Um a três
Flor: tamanho	Três
	Pequeno
	Médio
	Grande

Flor: número de pétalas completamente desenvolvidas	Baixo
	Médio
	Alto
Flor: pétalas estaminoides	Ausente
	Presente
Flor: número de pétalas estaminoides	Baixo
	Médio
	Alto
Fruto: formato na extremidade peduncular	Largamente
	Arredondado
	Arredondado truncado
	Pontiagudo
	De pescoço
Fruto: cor da casca	Verde amarelada clara
	Amarela clara
	Amarela escura
	Laranja
	Verde alaranjada
	Verde escura
	Vermelha
Fruto: textura da superfície	Lisa
	Rugosa
	Irregular
Fruto: diâmetro da cavidade do cálice em relação ao diâmetro do fruto	Pequeno
	Médio
	Grande
Fruto: cor da polpa	Branca
	Amarela clara
	Rosa clara
	Rosa
	Rosa escura
	Rosa alaranjada
	Laranja

Fruto: espessura da polpa externa em relação ao diâmetro do centro	Fina Média Grossa
---	-------------------------

Análise da diversidade genética

Na análise de diversidade genética foram empregados os métodos multivariados, utilizando variáveis quantitativas e qualitativas.

A estimação da matriz de distância genética foi realizada por meio da análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas obtidas com base no algoritmo de Gower (1971), gerando a matriz de distância através da equação:

$$S_{ijk} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Em que:

K – é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots, p$);

p – o número total de variáveis;

i e j – par de genótipos, para os quais é calculada a distância genética;

W_{ijk} – é um peso dado à comparação ijk , atribuindo 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou nos dois genótipos).

S_{ij} – é a contribuição da variável k na similaridade entre os indivíduos i e j , possuindo valores entre 0 e 1, sendo que:

a) Para uma variável nominal, se o valor da variável k é o mesmo para ambos os indivíduos (i e j), então $S_{ij} = 1$, caso contrário, é igual a zero;

b) Para uma variável contínua, $S_{ij} = 1 - \frac{X_{ik} - X_{jk}}{R_k}$, em que X_{ik} e X_{jk} são os valores da variável k para os genótipos i e j , respectivamente, e R_k é a amplitude da variável k na amostra. A divisão por R_k elimina as diferenças entre as escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo $[0, 1]$ e pesos iguais (Rocha et al., 2010).

Adicionalmente realizou-se o cálculo do coeficiente de correlação cofenético (Sokal e Rohlf, 1962) para estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado.

O agrupamento dos indivíduos foi obtido pelos métodos de UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*). Os dados foram analisados pelo programa R, utilizando o pacote *clusters*.

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

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base na matriz de dissimilaridade gerada pelas variáveis quantitativas e qualitativas, foi possível diferenciar os indivíduos das famílias endogâmicas S₂ de *Psidium guajava*. Na análise de agrupamento dos 100 indivíduos, o método hierárquico UPGMA permitiu a formação de quatro grupos distintos, quando se utilizou os 26 descritores morfoagronômicos, indicando haver diversidade genética entre os indivíduos avaliados. O ponto de corte no dendrograma foi determinado pelo método de Mojena (1977). Outros trabalhos encontraram um maior número de grupos, como o de Coser et al. (2014), onde conseguiram observar a formação de seis grupos. Os autores avaliaram 16 genótipos de *P. guajava* L., sendo duas cultivares (Paluma e Pedro Sato), 13 genótipos da cultivar Cortibel e um genótipo adquirido em viveiro, e realizaram as medições de 14 características dos frutos. O menor número de grupos do presente trabalho já era esperado, uma vez que as famílias vêm passando por seleções.

O grupo I foi constituído por 70 indivíduos, o grupo II por 20 indivíduos, o grupo III por 7 indivíduos e o grupo IV por 3 indivíduos (Figura 1). No grupo I (azul), ficaram agrupados indivíduos representantes das 10 famílias endogâmicas, no grupo II (vermelho) ficaram agrupados representantes de quatro famílias, a 3, 4, 5, e 6. No grupo III (preto) ficaram agrupados as famílias 4, 5, 6 e 7, e no grupo IV (laranja) apenas indivíduos da família 5.

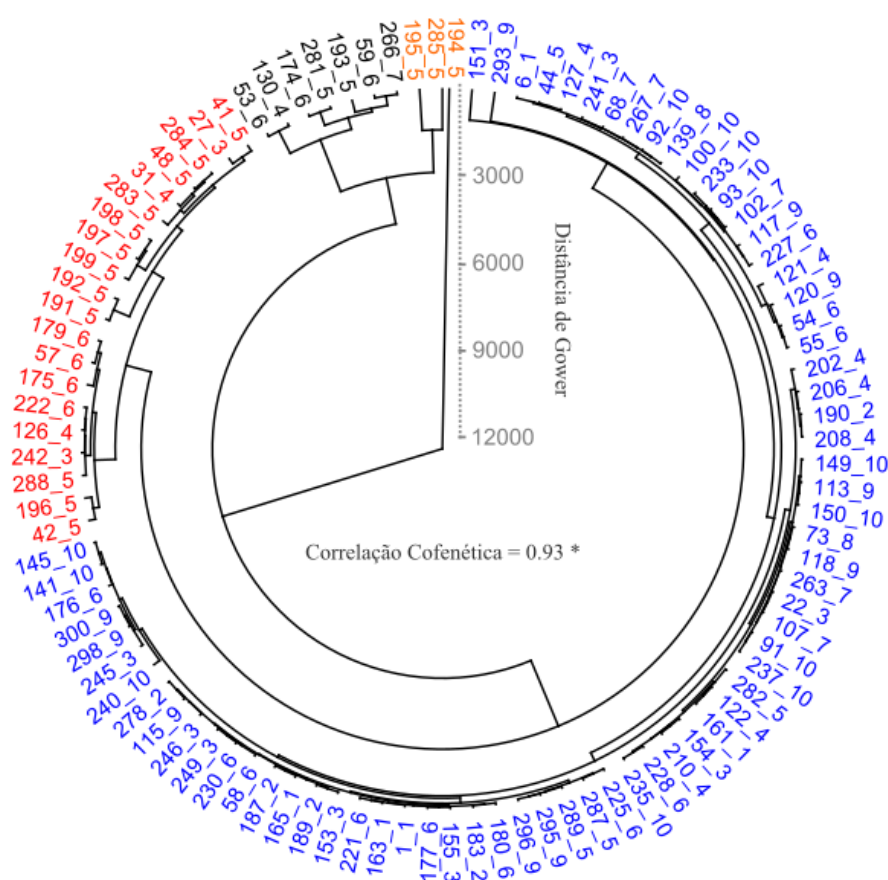


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 100 indivíduos de goiabeira provenientes de famílias endogâmicas S₂, obtido pelo método UPGMA, utilizando o algoritmo de Gower como medida de dissimilaridade.

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

Os genótipos que apresentaram maiores similaridades foram os indivíduos 122, família 4, com o indivíduo 161, família 1 (27,74) pertencentes ao grupo I, que é o grupo que reúne as plantas menos produtivas. Os indivíduos com maior dissimilaridade foram o 194, família 5 (Grupo IV), e o 293, família 9 (Grupo I) (14136).

O estudo da diversidade genética é útil no melhoramento genético pois, por meio do conhecimento da variabilidade genética disponível da população, é possível gerenciar os cruzamentos a serem realizados, maximizando-se o ganho genético (Nascimento et al., 2011).

Com relação aos grupos, pode-se observar a presença de indivíduos da família 5 em todos os 4 grupos. No grupo IV ficaram alocados apenas três indivíduos da família 5, isso se deve ao fato que os indivíduos 194,195 e 285 apresentaram a maior produção total e o maior número de frutos, com uma média de 52 frutos por indivíduo e 10,18kg de produção total (Tabela 1), e essas são as duas características que mais contribuem para a diversidade (Figura 2), distinguindo assim esses indivíduos dos demais e colocando-os em um único grupo. Isso também explica a presença de indivíduos da família 5 em todos os grupos, dos 100 indivíduos avaliados, 19 pertenciam a família 5, sendo estes materiais promissores devido sua alta produtividade.

No grupo I, apareceram indivíduos de todas as 10 famílias avaliadas no experimento, mas as famílias 1, 2, 8, 9 e 10, apareceram apenas nesse grupo. Neste grupo estão agrupados 71 indivíduos, que apresentaram número de frutos de 5 a 13, por planta e uma produtividade média de 1,14 kg (Tabela 1).

No grupo II, os indivíduos representaram as famílias 3,4,5 e 6, o grupo apresentou uma variação no número de frutos de 9 a 31, com produção total variando de 2,217 kg a 3,366 kg.

No grupo 3, as famílias 4, 5, 6 e 7, apresentaram uma variação do número de frutos de 11 a 29, e com produção total variando de 4,670 kg a 6,003 kg.

Tabela 1. Número médio de frutos e produção média de frutos (kg) em cada grupo obtido pelo método UPGMA.

	Número médio de frutos	Produção média de frutos (Kg)
Grupo I	5,8	1,14
Grupo II	15	3,1
Grupo III	21	5,36
Grupo IV	52	10,18

O agrupamento pelo método de UPGMA obteve um ajuste com as distâncias originais na ordem de 93%. Isso significa que para o grupamento UPGMA foi

observado um coeficiente de correlação cofenética (CCC) de 0,93. Valores de correlação cofenética superiores a 0,8 indicam bom ajuste entre as matrizes originais de distância e as resultantes da simplificação pelo método de agrupamento (Sokal e Rohlf, 1962). O CCC estabelece uma relação entre a matriz com o dendrograma gerado, ou seja, compara as reais distâncias obtidas entre os acessos com as distâncias representadas graficamente (Kopp et al., 2007). Quanto maior for o valor da correlação, menor será a distorção provocada pelo agrupamento (Siqueira et al., 2020).

Na Figura 2, pode-se observar as características que foram utilizadas para avaliar a divergência genética e o quanto cada uma delas influenciou nessa variação. As características produtividade total de frutos e número de frutos foram as que mais contribuíram para a diversidade da população, contribuindo com quase 50% da diversidade. Quanto a característica de fruto, a cor da casca e o diâmetro da cavidade do cálice, contribuíram com aproximadamente 5%, cada característica. A cor do caule, em brotos jovens, também é uma boa característica para demonstrar a variabilidade da população, contribuindo com quase 10% da variabilidade encontrada.



Figura 2. Contribuição relativa dos caracteres de importância para a diversidade genética.

Segundo Barbé (2008), a importância relativa dos caracteres é de fundamental interesse dos pesquisadores, possibilitando concluir com segurança a respeito da viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética, reduzindo o número de características e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo. Características como espaçamento entre nervuras, comprimento de folha e textura da superfície, podem ser descartadas devido sua baixa contribuição para a caracterização da diversidade (Tabela 2). De acordo com Cruz e Carneiro (2006), as características de menor importância para estimar a diversidade entre indivíduos são as que apresentam menor variabilidade genética e, portanto, pouco informativas para os acessos em estudo.

CONCLUSÃO

Com base nas distancias genéticas de Gower, o dendrograma permitiu a formação de 4 grupos, evidenciando a divergência entre os indivíduos das famílias endogâmicas S₂ de goiabeira, sendo o indivíduo 194 (família 5) e o indivíduo 293 (família 9) os mais divergentes.

Os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética das famílias endogâmicas, foram a produção total e o número de frutos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 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.
- Barbé, T. C. (2008) Estimativas de divergência genética entre linhas de feijão-de vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio de análise multivariada e associação com a genealogia. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ, 95p.
- Bueno, R. B. (2021) Desempenho agronômico, correlações e dissimilaridade através do algoritmo de gower em linhagens de cana-de-açúcar. Trabalho de conclusão de curso em Agronomia – Universidade Federal de Santa Maria, Frederico Westphalen – RS, 31p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.2, 3^a. ed. Viçosa: UFV, 668p.
- 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, v. 2.
- Cunha, D. H. F., Coutinho, G., Guimarães, P. H. S., & Peche, P. M. (2023). Adaptabilidade e seleção de espécies de *physalis* para regiões tropicais. Magistra, 33.

Gower J.C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27:857-874.

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>

Mohammadl, S.A., Prasanna, B.M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient Statistical Tools And Considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.

Nascimento, I.R.; Maluf, W.D.; Gonçalves, L.D.; Faria, M.V.; Resende, J.T.V.; Nogueira, D.W. (2011) Capacidade combinatória de linhagens de pimentão a partir de análise dialética multivariada. *Acta Scientiarum Agronomy*, 32 (2): 235 – 240.

Nobre, V. F., de Oliveira, S., da Silva, M. D. S. (2021) Caracterização morfoagronômica de acessos de mamoeiro do banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. *Cadernos de Ciência & Tecnologia*, 38 (1): 26771.

Oliveira, F.T., Hafle, O.M., Mendonça, V., Moreira, J.N., Pereira Junior, E.B., Rolim, H.O. (2015) Respostas de porta-enxertos de goiabeira sob diferentes fontes e proporções de materiais orgânicos. *Comunicata Scientiae*, 6 (1): 17- 25.

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>.

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

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

Santos, C.A.F., Castro, J.M.C., Souza, F.F., Vilarinho, A.A., Ferreira, J., Pádua, F.R.F.G., Borges, R.M.E., Barbieri, R.L., Souza, A.G.S., Rodrigues, M. A. (2010) Prospecting and morphological characterization of brazilian *Psidium* germplasm. *Acta Horticulturæ*, 849: 63-68.

Siqueira A.R.C, Coelho R.F.C, Fortes F.J.O, Sousa A.F.F, Valadares R.N, Doihara I.P. (2020) Divergência genética entre genótipos de arroz submetidos à Salinidade durante o estágio de plântula. *Agrotrópica*, 32(2):133-138.

Sokal, R.R; Rohlf, F.J. (1962) The comparasion of dendograms by objetive methods. *Taxonomy*, Berlim, 11:33-40.

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

3.3 Resistência de famílias endogâmicas S₂ e S₃ de *Psidium guajava* L. ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*

RESUMO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma fruta importante para o Brasil, que é o maior produtor mundial de goiaba vermelha, com destaque para o Estado do Pernambuco. Contudo, a produção enfrenta desafios fitossanitários, especialmente devido ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*, que afeta drasticamente o crescimento e a produção das plantas. Inicialmente, acreditava-se que esse nematoide era o único responsável, mas descobriu-se uma interação sinérgica com o fungo *Neocosmospora falciformes*. O estudo busca avaliar a resistência de famílias endogâmicas S₂ e S₃ de goiabeiras a *M. enterolobii*. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), em Campos dos Goytacazes - RJ, de julho a novembro de 2024. As populações de goiabeira utilizadas foram originadas a partir de cruzamentos intraespecíficos e subseqüentes autofecundações, gerando famílias S₂ e S₃. Para a inoculação, foi utilizado um isolado puro de *M. enterolobii* e as plantas foram inoculadas com 2.000 ovos + J2 por planta. As variáveis avaliadas incluíram a massa fresca da parte aérea e das raízes, altura da parte aérea, número de folha, população final e o fator de reprodução do nematoide. O fator de reprodução (FR) foi utilizado para classificar a resistência das famílias. Os dados foram analisados estatisticamente usando o software Selegem. A análise de Deviance revelou que não houve diferenças significativas nas variáveis vegetativas (massa fresca de parte aérea, massa fresca de raiz, altura de parte aérea, comprimento de planta e número de folhas) nem nas variáveis relacionadas ao nematoide (população final e fator de reprodução) entre as famílias S₂, S₃ e a cultivar *Paluma*. A classificação de resistência, baseada no fator de reprodução (FR) e no percentual de redução do FR (PR%), confirmou que as famílias apresentaram diferentes níveis de resistência de acordo com a metodologia utilizada para classificá-las. Os resultados indicam que os materiais classificados como pouco resistentes podem ser utilizados em programas de melhoramento, visto que não há nenhum material de *P. guajava* L. resistente ao *M. enterolobii*.

INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma espécie originária da América Tropical e pertence à família *Myrtaceae*, gênero *Psidium* (FLORA DO BRASIL, 2024). É a espécie economicamente mais importante dentro do gênero *Psidium*. Atualmente o Brasil é o maior produtor de goiaba vermelha no mundo, produzindo 582.832 toneladas em uma área de 22.487 hectares, sendo Pernambuco o principal produtor Brasileiro (IBGE, 2023).

As características edafoclimáticas do Brasil, assim como as características físicas e químicas do solo permitiram fácil adaptação da frutífera às condições brasileiras. A modernização do cultivo e as novas tecnologias implementadas em toda a cadeia produtiva permitiu aumento na produtividade e maior valor agregado ao fruto, uma vez que toda as partes vegetativas da goiaba podem ser utilizada para diversos fins, sendo que os produtos derivados da goiaba possuem boa aceitabilidade e valorização no mercado interno e externo (Souza et al., 2022).

No entanto, os produtores de goiaba enfrentam uma série de desafios fitossanitários que impactam negativamente a cultura. Entre esses desafios, destaca-se o nematoide *Meloidogyne enterolobii* Yang; Eiesenback, 1983 (sin. *M. mayaguensis* Rammah; Hirschmann, 1988), um dos principais patógenos que afetam a goiabeira (Carneiro et al., 2021). No Vale do São Francisco, uma importante região produtora, houve redução de mais de 70% na produção de goiaba entre anos 2000-2007, devido, principalmente, à infecção por esse nematoide (Freitas et al., 2014), na região de São João da Barra (RJ), as perdas econômicas motivaram a erradicação dos pomares e a mudança de atividade pelos produtores (Lima et al., 2003).

O primeiro relato de *M. enterolobii* em goiabeira no Brasil ocorreu em 2001 (Carneiro et al., 2001) em Petrolina, Pernambuco e em Juazeiro, Bahia, e sua disseminação para vários estados brasileiros ocorreu por meio da comercialização de mudas infectadas pelo nematoide (Carneiro et al., 2007). Na época, constatou-se que as plantas infestadas por nematoides apresentaram drástica redução de crescimento, folhas pequenas e redução de produção em volume e em qualidade (Carneiro et al., 2001). A planta parasitada pode ser levada à morte com tempo variável em função da maior ou menor infestação do solo (Castro, 2019).

A priori, acreditavam que apenas o *M. enterolobii* era o responsável pelo definhamento das goiabeiras infectadas, mas, alguns anos depois foi comprovado que havia interação sinérgica entre o nematoide e o fungo *Neocosmospora falciformes* na deterioração radicular das plantas parasitadas. Desde então o declínio da goiabeira passou a ser tratado como uma doença complexa, devido a interação sinérgica entre esses dois patógenos (Gomes et al., 2011).

Ainda não existem cultivares de goiabeira (*P. guajava* L.) resistentes ao *M. enterolobii*, apenas algumas espécies de araçazeiros apresentaram resistência ao nematoide (Carneiro et al., 2007, Almeida et al., 2009, Biazatti et al., 2016, Castro et al., 2017). Foi lançado no ano de 2020, o BRS Guaraçá, que é um híbrido interespecífico (*P. guajava* x *P. guineense*) utilizado como porta-enxerto que é resistente ao nematoide das galhas da goiabeira (Souza et al., 2024).

Pesquisas constantes vem sendo realizadas na cultura da goiaba em busca de acessos que apresentem resistência ao *M. enterolobii*, pois essa alternativa detém os danos físicos causados pelos fitoparasitas nas raízes que são a porta de entrada para a infecção fúngica, por *N. falciformes* (Castro et al., 2019). A utilização de genótipos resistentes aos fitonematoides, especialmente ao *M. enterolobii*, é uma das estratégias mais efetivas e importantes em programas de melhoramento e no manejo integrado de doenças.

Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a resistência de diferentes famílias e plantas provenientes de famílias endogâmicas (S₂ e S₃) de goiabeira e classificá-las quanto a sua resistência ao *M. enterolobii*.

MATERIAL E MÉTODOS

Área de estudo

O experimento foi conduzido em casa de vegetação, situada na Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP) do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, do campus da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada em Campos dos Goytacazes, RJ (latitude 21°45'41.5"S, longitude 41°17'22.2"W). O período de condução do experimento foi de julho de 2024 a novembro de 2024.

Origem das populações S₂ e S₃

A população de goiabeira foi originada por Pessanha et al. (2011) com um trabalho de pré-melhoramento. Após a análise molecular da população, foram realizados cruzamentos intraespecíficos dos acessos de *P. guajava* L. Essas hibridações foram realizadas entre os sete genitores superiores e contrastantes encontrados via análise molecular RAPD dando origem a 17 famílias segregantes. Essa população segregante de ampla variabilidade genética foi avaliada e selecionada via REML/BLUP posteriormente por Quintal et al. (2017) onde as plantas mais produtivas foram selecionadas e autofecundadas, gerando 18 famílias endogâmicas que foram avaliadas por Ambrósio et al. (2022), a partir dessas famílias foram selecionados os genótipos mais promissores, onde foram obtidas 10 famílias S₂, e dentre as 10 famílias S₂ foram selecionadas as quatro melhores famílias, que compõem a S₃.

Semeadura e tratos culturais

Dois experimentos foram realizados concomitantemente, um com as famílias endogâmicas S₂ e outro com as famílias endogâmicas S₃. Foram utilizadas sementes dos frutos produzidos, por autofecundação, na Estação Experimental Ilha Barra do Pomba, no município de Itaocara-RJ. Para a produção de mudas, foram utilizados sacos plásticos de polietileno (tamanho 15x21) preenchidos com substrato comercial Basaplant®, e foram semeadas 3 sementes por saco, 21 dias após o semeio (DAS) foi realizado o desbaste, permanecendo apenas uma planta por saco (Figura 1). Aos 90 DAS as plantas foram transplantadas para vasos plásticos de cinco litros com a mistura de terra e areia (2:1). As plantas foram adubadas de acordo com os resultados da análise de solo e as correções baseadas nas recomendações de Prezotti et al (2013).



Figura 1. Semeio das famílias endogâmicas S₂ e S₃ (A). Plantas aos 15 DAS (B). Plantas aos 50 DAS (C).

A irrigação foi realizada via sistema de microaspersão sobre copa, sendo ajustada de acordo com o estágio de desenvolvimento das mudas e temperatura ambiental. Também foram realizadas pulverizações periódicas com defensivos agrícolas para o controle de pragas e doenças.

Inoculação com *Meloidogyne enterolobii*

A inoculação com o nematoide *Meloidogyne enterolobii* foi realizado 120 DAS, quando as plantas das famílias endogâmicas S₂ e S₃, possuíam em torno de seis pares de folhas.

Para a determinação do número de ovos e juvenis que iriam ser inoculados em cada planta, foi realizado um ensaio preliminar com a cultivar suscetível 'Paluma', onde foram testados dois níveis de inóculo (500 ovos + J2 e 2.000 ovos + J2) e em mudas com diferentes idades (1 par, 2 pares e 3 pares de folhas). De acordo com o resultado do ensaio, não houve diferenças significativas para nenhuma das variáveis (Dados não publicados).

Como fonte de inóculo foi utilizado um isolado puro de *M. enterolobii* proveniente do laboratório de Nematologia da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, mantido em tomateiro (*Solanum lycopersicum*) e em goiabeira (*Psidium guajava*). Para o preparo do inóculo, raízes infectadas foram submetidas ao método de extração de Coolen & D’Herde (1972) modificado, ou seja, sem a utilização de caolim. A suspensão resultante foi passada por peneiras de 65 e 500 *mesh* sobrepostas, e recolhidas em um béquer. Mediante contagem em lâmina de Peters em microscópio estereoscópico, a suspensão foi calibrada para a concentração de 2.000 ovos + J2 de *M. enterolobii* em 10 ml de água.

As mudas foram inoculadas quando as plantas possuíam, em média, seis pares de folha. Cada muda recebeu 10 ml de suspensão com 2.000 ovos e J2 distribuídos em quatro furos ao redor do colo da planta. A goiabeira cv. ‘Paluma’, cultivar conhecida por ser suscetível a *M. enterolobii* (Burla et al., 2010; Miranda et al., 2012), foi utilizada como referência para atestar a viabilidade do inóculo e do método de inoculação (Figura 2).



Figura 2. Etapas para inoculação de *Meloidogyne enterolobii*. Suspensão com nematoides para inoculação (A); Plantas já inoculadas com 2.000 ovos e J2 (B).

No período do experimento, as médias das temperaturas mínimas e máximas, variaram de 19,9°C a 26,6°C, respectivamente. E a umidade relativa média foi de 75,13 (UR%) (Figura 3). Sendo temperaturas ideais para o desenvolvimento do *M.*

enterolobii, que necessita de temperaturas entre 25 e 30°C para completo desenvolvimento do seu ciclo de vida (Moens et al., 2009).

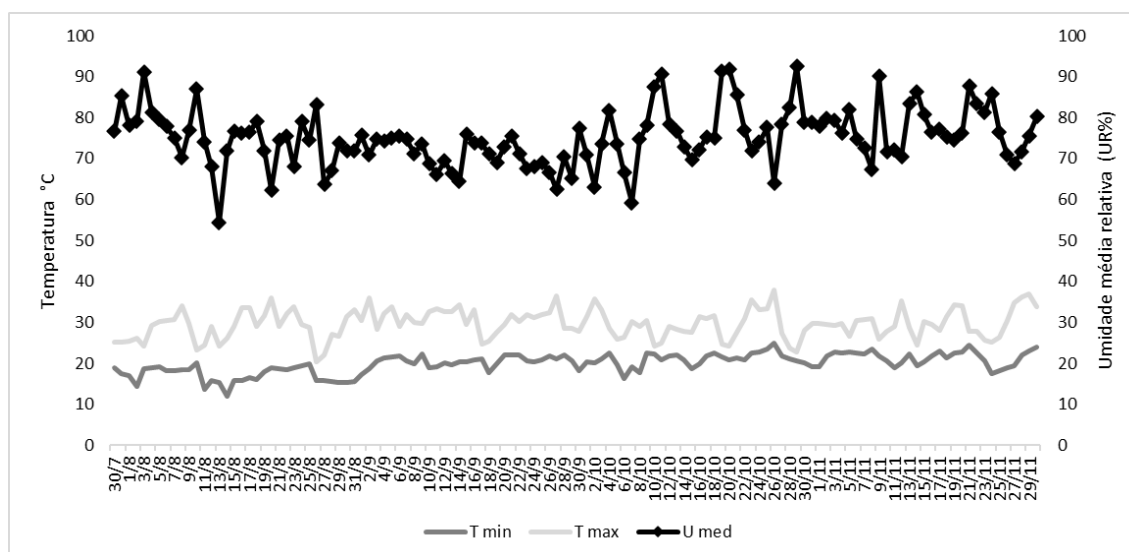


Figura 3. Temperaturas máximas e mínimas (T° C máx. e T° C min.) e umidade relativa média do ar (UR%) no interior da casa de vegetação, entre julho a novembro de 2024.

Delineamento Experimental

O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados (DBC). Para a avaliação das famílias endogâmicas S2, foram testadas dez famílias, cada uma representando um tratamento, com oito plantas por família (repetições), tendo a cultivar 'Paluma' como testemunha. Ao todo, o experimento contou com 11 tratamentos e 8 repetições (blocos), totalizando 88 plantas, conforme os códigos apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Códigos de tratamentos e famílias no experimento em casa de vegetação com famílias endogâmicas S₂.

Famílias Endogâmicas S ₂	
Tratamentos	Famílias
1	1
2	2
3	3
4	4
5	5
6	6
7	7
8	8
9	9
10	10
11	cv. 'Paluma'

O experimento com famílias endogâmicas S₃, foi composto por 10 tratamentos (4 famílias e 1 cv. Suscetível) e 8 repetições (blocos), totalizando 80 plantas, com os seguintes códigos (Tabela 2).

Tabela 2. Códigos de tratamentos, famílias e plantas no experimento em casa de vegetação com famílias endogâmicas S₃.

Famílias Endogâmicas S ₃		
Tratamentos	Famílias	Identificação das Plantas*
1	5	284
2	5	281
3	4	130
4	3	27
5	5	194
6	5	283
7	5	195
8	8	73
9	5	193
10	cv. 'Paluma'	

*Número da planta no campo.

Características avaliadas

As avaliações foram realizadas aos 120 dias após a inoculação, onde a patogenicidade do nematoide foi expressa em variáveis quantitativas. Medições em gramas (g), foram realizadas em balança de precisão e medições em centímetros (cm), foram realizadas com fita métrica. As variáveis avaliadas foram: Massa fresca da parte aérea (MFPA), em g; Massa fresca de raiz (MFR), em g; Altura de parte aérea (APA), em cm; Comprimento da planta (CP), em cm; Número de folhas, por planta; População final do nematoide (ovos + J2); Fator de reprodução do nematoide (PF/Inóculo inicial);

Foi avaliada a massa fresca de parte aérea (MFPA) e massa fresca de raiz (MFR), com o auxílio de uma balança de precisão. A altura de parte de aérea (APA) foi obtido através da medição da planta da região do coleto até a última folha. O comprimento de planta (CP) foi a soma das medidas do comprimento de raiz, que foi medido da altura do coleto até o final da raiz, somado a APA, resultando assim, no comprimento de planta. O número de folhas foi obtido após a contagem de todas as folhas de cada planta, individualmente.

Para se obter a população final do nematoide, as raízes foram processadas conforme o método de Boneti & Ferraz (1981) modificado – utilizando-se solução aquosa de 1% de hipoclorito de sódio e trituração no liquidificador por 30 segundos. A suspensão obtida foi passada em peneiras de 65 e 500 *mesh*, e a suspensão resultante foi submetida à contagem em lâminas de Peters.

O fator de reprodução foi determinado de acordo com Oostenbrink (1966) pela divisão da população final (número de ovos + J2 obtido do sistema radicular de cada planta) pela população inicial (número de ovos + J2 inoculados). A classificação final das plantas para resistência a nematoides foi baseada no fator de reprodução ($FR = \text{População final} / 2000$), $FR = 0$ = imune, $FR = 1$ = suscetível (Oostenbrink, 1966).

Também foi calculado o percentual de redução de FR (PR%). Sendo inicialmente, determinada de forma semelhante ao FR; ou seja, pela relação PF/PI (população final/população inicial). Posteriormente, a população com maior índice de reprodução foi considerada referência de suscetibilidade. Em seguida, o índice de reprodução da referência foi comparado com o das demais populações, calculando-se o percentual de redução de cada uma, seguindo a metodologia estabelecida por Moura e Régis (1987). Com base nestes valores, foram definidos os níveis de resistência de cada família de *P. guajava* a *M. enterolobii*, de acordo com o seguinte critério de reprodução estabelecido por Moura e Régis (1987): AS - altamente suscetível, PR% de 0 a 25%; S - suscetível, PR% de 26 a 50%; PR - pouco resistente, PR% de 51 a 75%; MR - moderadamente resistente, PR% de 76 a 95%; R - resistente, PR% de 96 a 99%; e AR - altamente resistente / imune, PR% de 100%.

Análise estatística

Para as características população final de nematoides (PF), fator de reprodução de nematoides (FR), altura de parte aérea (APA), comprimento de planta (CP), número de folhas (NF), massa fresca de parte aérea (MFPA) e massa fresca de raiz (MFR), foram realizadas análises de Deviance e estimativas dos parâmetros genéticos.

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

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

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

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.

Utilizou-se o software SELEGEN para realizar as análises de REML/BLUP e estimar os parâmetros genéticos, através dos modelos 176 (Seleção em S_2 sem medidas repetidas) e do modelo 177 (Seleção em S_3 sem medidas repetidas).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 3, são apresentados os valores de Deviance, cujos resultados demonstram não haver diferença significativa pelo teste de Qui-Quadrado para nenhuma das características avaliadas, tanto para as famílias endogâmicas S_2 quanto para as famílias endogâmicas S_3 .

Tabela 3. Análise de Deviance para características de população final de nematoides (PF), fator de reprodução de nematoides (FR), altura de parte aérea (APA), comprimento de planta (CP), número de folhas (NF), massa fresca de parte aérea (MFPA) e massa fresca de raiz (MFR), em famílias endogâmicas S₂ e S₃ de *Psidium guajava*.

Famílias endogâmicas S ₂								
PF*			FR		APA		CP	
Efeito	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipos	756,11	0,07 ^{ns}	576,19	0,01 ^{ns}	498,42	0,00 ^{ns}	521,05	0,03 ^{ns}
Modelo Completo	756,04		576,18		498,42		521,02	
NF			MFPA		MFR			
Efeito	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)		
Genótipos	473,34	0,19 ^{ns}	506,17	0,00 ^{ns}	454,38	0,00 ^{ns}		
Modelo Completo	473,15		506,17		454,38			
Famílias endogâmicas S ₃								
PF*			FR		APA		CP	
Efeito	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipos	666,65	0,35 ^{ns}	445,32	0,19 ^{ns}	466,05	0,00 ^{ns}	488,70	0,00 ^{ns}
Modelo Completo	666,30		445,13		466,05		488,70	
NF			MFPA		MFR			
Efeito	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)		
Genótipos	411,60	0,00 ^{ns}	478,77	0,00 ^{ns}	456,43	0,26 ^{ns}		
Modelo Completo	411,60		478,77		456,17			

*Variável transformada em $\sqrt{x}$.

Estimativas de parâmetros genéticos são essenciais para programas de melhoramento, pois auxiliam os melhoristas a tomarem decisões sobre métodos de melhoramento, condução dos ensaios e seleção das plantas (Amaral et al., 2009). As estimativas de variância fenotípica para famílias endogâmicas S₂ variaram de 6781,95 a 135,23 (Tabela 4). Os maiores valores foram obtidos para as características população final de nematoides (PF) e fator de reprodução do nematoide (FR) (6781,95 e 656,95, respectivamente) indicando maior influência do ambiente na expressão dessas características. Já nas famílias endogâmicas S₃ (Tabela 4), os valores de variância fenotípica variaram de 4391,8 a 120,46. Os maiores valores foram observados para as características população final do nematoide (PF) e comprimento de planta (CP) (4391,8 e 356,81, respectivamente). Em ambos os experimentos (Famílias endogâmicas S₂ e S₃), foi possível observar que a característica FR foi a que apresentou o maior valor de variância fenotípica, e de acordo com Gomes et al. (2017) por ser uma característica poligênica é altamente afetada por fatores ambientais, o que contribui para os altos valores de variância fenotípica obtidos nesse estudo.

Tabela 4. Estimativas dos parâmetros genéticos via REML, para características de população final de nematoides (PF), fator de reprodução de nematoides (FR), altura de parte aérea (APA), comprimento de planta (CP), número de folhas (NF), massa fresca de parte aérea (MFPA) e massa fresca de raiz (MFR), em famílias endogâmicas S₂ e S₃ de *Psidium guajava*.

Famílias endogâmicas S ₂							
	PF*	FR	APA	CP	NF	MFPA	MFR
σ_g^2	84,41	3,55	0,62	0,54	3,77	1,15	0,29
σ_e^2	5209,19	508,19	185,81	249,66	130,75	204,98	104,95
σ_f^2	6781,95	656,95	239,52	321,53	171,89	264,71	135,23
h^2_a	0,012	0,005	0,002	0,002	0,02	0,004	0,002
h^2_{mp}	0,099	0,043	0,020	0,013	0,17	0,034	0,017
C ² parc	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11
Média Geral	205,35	24,72	54,61	90,04	30,44	28,32	25,31
Famílias endogâmicas S ₃							
	PF*	FR	APA	CP	NF	MFPA	MFR
σ_g^2	129,11	3,56	0,26	0,37	0,11	0,458	12,18
σ_e^2	3315,42	148,11	201,53	277,23	93,6	240,93	169,77
σ_f^2	4391,8	193,99	259,37	356,81	120,46	310,22	230,46
h^2_a	0,03	0,02	0,001	0,001	0,0009	0,001	0,05
h^2_{mp}	0,26	0,16	0,009	0,009	0,008	0,013	0,47
C ² parc	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,10
Média Geral	174,59	16,9	52,56	87,62	31,44	29,98	29,18

Legenda: PF: população final do nematoide; FR: fator de reprodução do nematoide; APA: altura de parte aérea; CP: comprimento total de planta; NF: número de folhas por planta; MFPA: massa fresca de parte aérea; MFR: massa fresca de raiz. *Variável transformada em $\sqrt{x}$.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2_a) para famílias endogâmicas S₂ variaram de 0,02 a 0,002. Já para as famílias endogâmicas S₃ os valores variaram de 0,05 a 0,009 (Tabela 4). Todas as estimativas obtidas foram consideradas baixas, pois de acordo com Resende (2002) estimativas de herdabilidade individual entre 0,01 a 0,15 são consideradas baixas, entre 0,15 a 0,50 são medianas e acima de 0,50 são altas.

Valores significativamente maiores foram observados para herdabilidade com base na média de progênies (h^2_{mp}) (Tabela 4). As estimativas mais altas para h^2_{mp} nas famílias endogâmicas S₂ foram para número de folhas (NF) e população final de nematoides (PF) (0,17 e 0,099, respectivamente). Nas famílias endogâmicas S₃ foram população final de nematoides (PF) e massa fresca de parte aérea (MFPA) (0,26 e 0,47, respectivamente). Os valores mais altos de herdabilidade entre média de progênies (h^2_{mp}) observados nas famílias endogâmicas S₃ podem ser atribuídas a mais um ciclo de autofecundação realizados na população. Assim como evidenciado por

Rezende et al. (2017), a seleção para resistência a nematoides pode ser mais eficiente quando realizada para herdabilidade média de progênes.

Quanto a classificação de resistência das famílias endogâmicas, ela foi feita por meio do fator de reprodução (FR) dos nematoides, para as famílias endogâmicas S₂ foi utilizado a média de cada família avaliada, e para as famílias endogâmicas S₃ a média de cada planta, que representavam as famílias.

Neste trabalho, procurava-se encontrar famílias/plantas que apresentassem resistência ao *M. enterolobii* e que o com o avanço das famílias endogâmicas, os genes de resistência fossem sendo transmitidos para as próximas gerações, devido as autofecundações que são realizadas para se obter as famílias endogâmicas.

De acordo com o critério de Oostenbrink (1966), nenhuma família e/ou planta apresentou resistência ao nematoide, corroborando os resultados encontrados por alguns autores, que identificaram diversos acessos de *P. guajava* suscetíveis a *M. enterolobii* (Biazatti et al., 2016; Carneiro et al., 2012; Castro et al., 2012; Miranda et al., 2012). Já de acordo com o critério de Moura e Régis (1987) foram encontradas famílias/plantas classificadas como pouco resistentes

Na figura 4 pode ser observado o nível de resistência de cada família, no experimento de famílias endogâmicas S₂, e da cv. 'Paluma' conforme o fator de reprodução (FR) estabelecido por Oostenbrink (1966). Dentre os materiais avaliados, a família 3 apresentou o maior FR (47,02), seguido da família 9 (31,98), valores bem superiores quando comparados a cv. 'Paluma', utilizada como testemunha suscetível, que apresentou FR de 21,48.

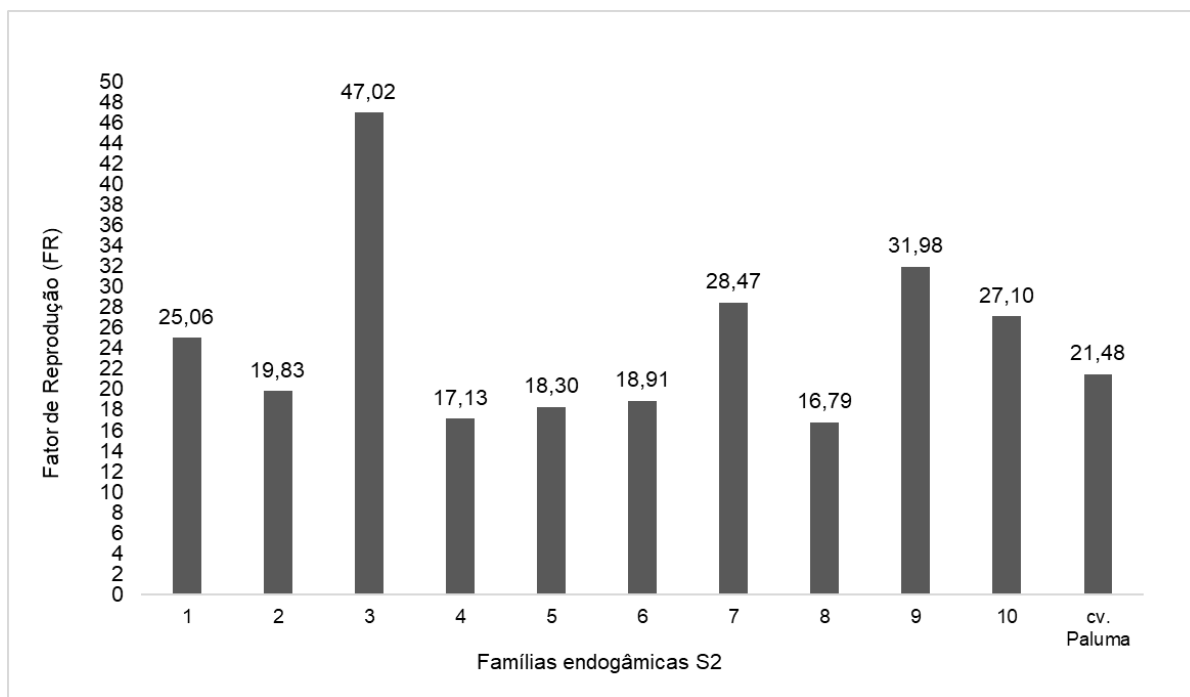


Figura 4. Valores do fator de reprodução (FR) em cada uma das famílias endogâmicas S₂ e na cultivar 'Paluma'.

Quando a classificação de resistência é feita pelo percentual de redução do fator de reprodução (FR) (PR%) segundo critérios estabelecidos por Moura e Régis (1987), das 10 famílias avaliadas, uma foi classificada como altamente suscetível (AS) (Família 3), cinco famílias foram classificadas como pouco resistente (PR) (Família 2, 4, 5, 6 e 8) e a cultivar 'Paluma' e quatro famílias foram classificadas como suscetíveis (Família 1, 7, 9 e 10) (Figura 5). As famílias classificadas como pouco resistentes (PR) podem ser exploradas em um programa de melhoramento genético visando resistência ao *M. enterolobii*, visto que elas apresentaram fatores de reprodução (FR) mais baixos que as demais plantas, que foram classificadas como suscetíveis (AS e S).

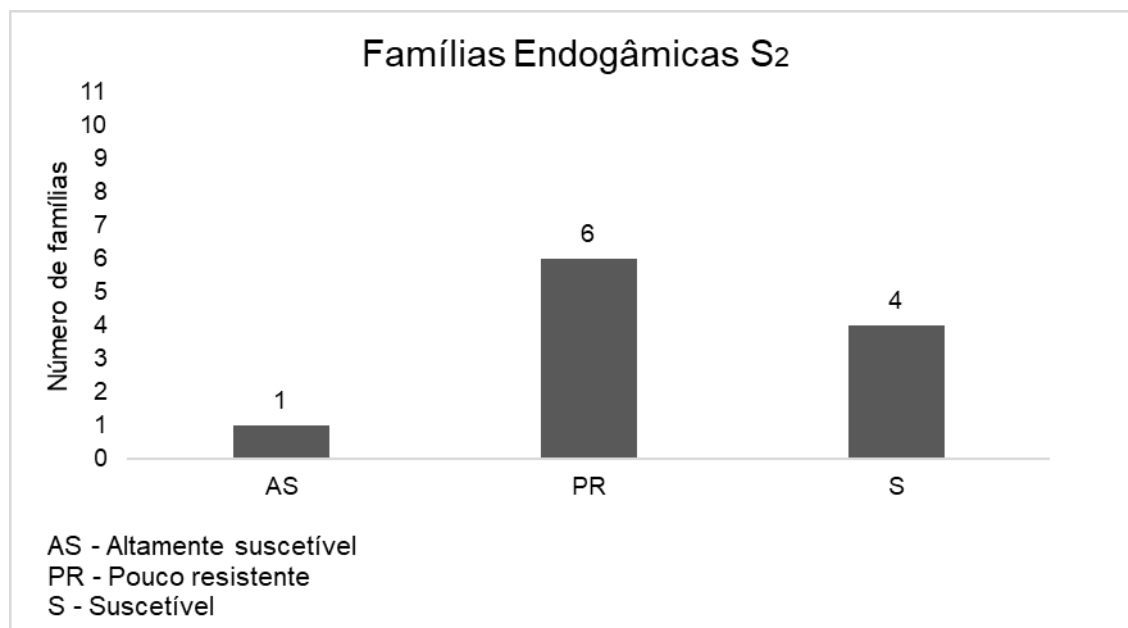


Figura 5. Níveis de resistência a *M. enterolobii* de famílias endogâmicas S₂, de acordo com o percentual de redução do FR (PR%) seguindo os critérios de Moura e Régis (1987).

Tanto pelo critério de Oostenbrink (1966), quanto pelo de Moura e Régis (1987), nenhuma família foi considerada resistente e/ou imune ao *M. enterolobii*. Mas, devido ao fato do critério proposto por Moura e Régis (1987) ser mais abrangente, oferecendo seis classes de classificação (AS, S, PR, MR, R e AR), enquanto Oostenbrink (1966) apresenta apenas três (imune, resistente e suscetível), é possível selecionar um maior número de famílias e explorar a resistência presente nelas, quando se tem a possibilidade de identificar os níveis intermediários de resistência (Ribeiro et al., 2019).

Na figura 6A, pode-se observar a raiz de uma planta da família 7 (famílias endogâmicas S₂), um sistema radicular vigoroso, com um peso médio de 25g de raiz, mas com a presença de muitas galhas (Figura 6B), o que resultou em um alto FR (28,47).



Figura 6. Raízes de *Psidium guajava* L. atacadas por *M. enterolobii*. Visão total da raiz atacada (A); Região com maior predominância de galhas (B).

Na figura 7, pode ser observado o valor do fator de reprodução de *M. enterolobii* de cada planta/família, no experimento de famílias endogâmicas S_3 e da cv. 'Paluma' conforme o fator de reprodução (FR) estabelecido por Oostenbrink (1966). Dentre as plantas avaliadas, a que apresentou o maior FR foi a 283, que pertence à família 5, seguido da cv. 'Paluma', que é suscetível ao nematoide (Figura 7). Outra planta que pertence à família 5, e também apresentou alto valor de FR, foi a planta 284, onde foi possível observar grande quantidade de galhas nas raízes (Figura 7A). As plantas que apresentaram os menores FR, foram a 27 (Família 3) e 73 (Família 8).

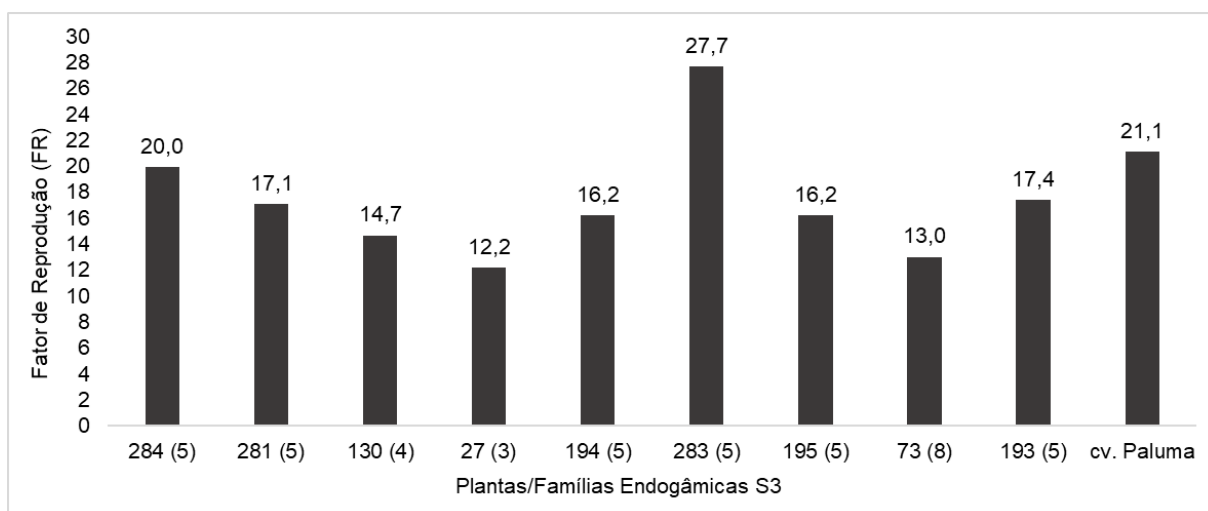


Figura 7. Valores do fator de reprodução (FR) em cada uma das famílias endogâmicas S₃ e na cultivar 'Paluma'.

De acordo com os critérios estabelecidos por Moura e Régis (1987), a classificação de resistência é feita pelo percentual de redução do fator de reprodução (FR) (PR%). Das 9 plantas avaliadas, 6 foram suscetíveis (Plantas 284, 281, 130, 194, 195, 193), sendo cinco plantas da família 5 e uma planta da família 4. Duas plantas foram classificadas como pouco resistentes (Planta 27 e 73), que pertencem a família 3 e 8, respectivamente. As plantas classificadas como altamente suscetíveis foram a planta 283 (Família 5) e a cultivar 'Paluma', comprovando assim sua alta suscetibilidade a *M. enterolobii*, como visto em estudos anteriores (Burla et al., 2010, Gomes et al., 2017, Souza et al., 2024) (Figura 8). As plantas classificadas como pouco resistentes (PR) podem ser exploradas em programas de melhoramento, visto que não há nenhum material de *P. guajava* resistente a esse nematoide, então a resistência encontrada em uma população pode ser utilizada em futuros cruzamentos para introgressão desses genes.

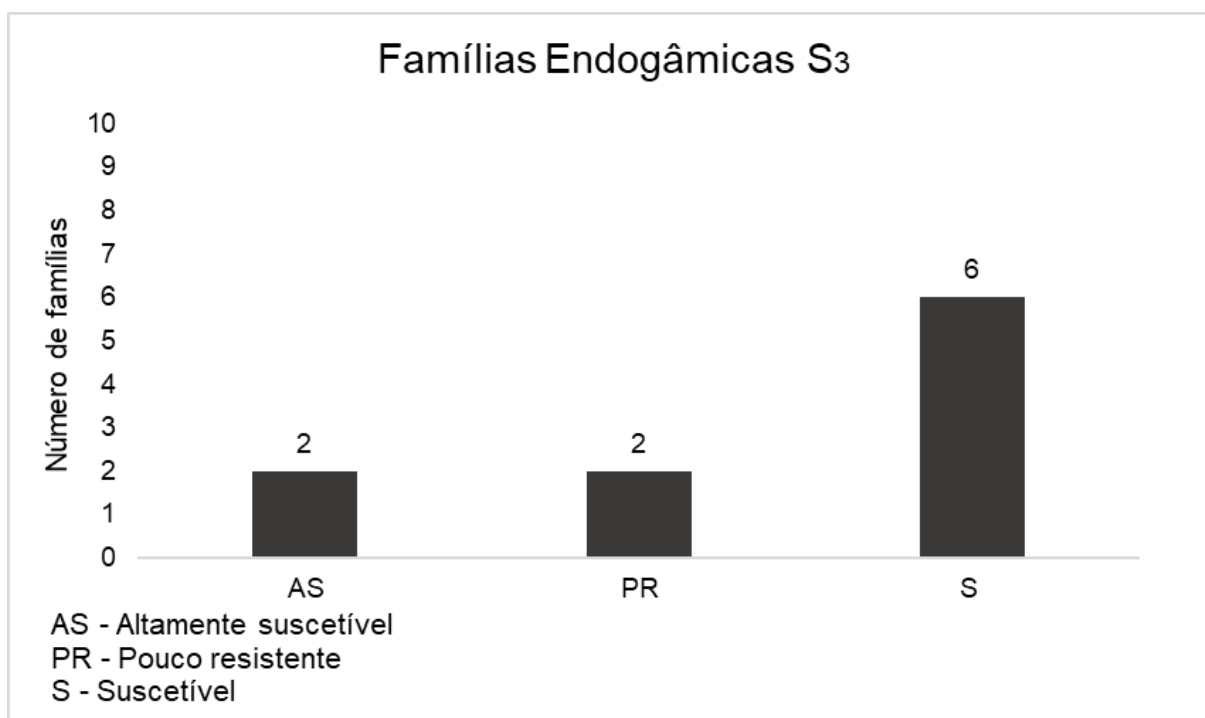


Figura 8. Níveis de resistência a *M. enterolobii* de famílias endogâmicas S₃, de acordo com o percentual de redução do FR (PR%) seguindo os critérios de Moura e Régis (1987).

O parasitismo de *M. enterolobii* ao sistema radicular das plantas de *Psidium guajava* causa galhas, nas quais estão presentes massa de ovos do patógeno (Fachinello et al., 2000). Na figura, pode-se observar diferentes níveis de galhas no sistema radicular das plantas. Visualmente a planta 73 (Figura 9B), é a que apresenta o maior número de galhas dentre as plantas apresentadas. Alguns indivíduos apresentam uma menor quantidade de galhas, mas ainda assim apresentam uma alta presença de ovos e J₂, resultando em um alto fator de reprodução, como pode ser observado na Figura 9C (FR 14,7).



Figura 9. Raízes de plantas das famílias endogâmicas S₃ inoculadas com *Meloidogyne enterolobii*. Planta 284 (Família 5) (A); Planta 73 (Família 8) (B); Planta 130 (Família 4) (C).

O *M. enterolobii* vem se mostrando um problema na agricultura da Índia, no ano de 2020, agricultores relataram perdas de 45 a 85% em produtividade devido a presença dos nematoides na lavoura (Singh, 2020). No Brasil, entre 200 e 2007, houve uma redução 70% na produção de goiabas, no vale do São Francisco, devido, principalmente a infecção por *M. enterolobii*.

E atualmente, existe apenas um porta enxerto resistente ao nematoide *M. enterolobii*, que é o híbrido interespecífico BRS Guaraçá, lançado pela EMBRAPA. Por isso a importância de seguir realizando estudos em busca de novas fontes de resistência, pois a quebra de resistência pelo nematoide das galhas em culturas de importância econômica como cafeeiro, tomateiro e outras, é algo frequente (Muniz et al., 2009, Gabriel et al., 2022).

Com isso a procura por materiais que apresentem fontes de resistência deve ser constante, por mais que ainda não tenha materiais com resistência total ao nematoide, é possível explorar a resistência de materiais que apresentam menores fatores de reprodução, que de acordo com Moura e Régis (1987) são classificados como pouco resistentes.

CONCLUSÃO

Todas as famílias e plantas avaliadas nas famílias endogâmicas S₂ e S₃ foram suscetíveis de acordo com o critério de Oostenbrink (1966), não apresentando resistência a *M. enterolobii*.

Já de acordo com o critério de Moura e Régis (1987), algumas famílias/plantas foram classificadas como pouco resistentes (PR), o que é interessante em programas de melhoramento, visto que não há nenhum material de *P. guajava* que apresente resistência ao *M. enterolobii*, com isso, essas plantas classificadas como PR podem ter sua resistência explorada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida, E.J., Martins, A.B.G., Santos Almeida, J.M. (2009) Resistência de goiabeiras e araçazeiros a *Meloidogyne mayaguensis* e estudo da compatibilidade na enxertia. Pesquisa agropecuária Brasileira, 44(4): 421-423.
- Amaral, N. D. O., Dias, F. T. C., Cavalcanti, J. J. V., Bertini, C. H. C. M. (2009). Estimativas de parâmetros genéticos em feijão caupi de porte ereto e ciclo precoce. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2009, Guarapari. Anais: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, Páginas: 1 CDRom.
- 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, 12(1), 22367.
- Biazatti, M. A., Souza, R. M., Marinho, C. S., Guilherme, D. O., Campos, G. S., Gomes, V. M., Bremenkamp, C. A (2016). Resistência de genótipos de araçazeiros a *Meloidogyne enterolobii*. Ciência Rural, 46(3): 418-420. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140488>.
- Burla, R.S., Souza, R.M., Gomes, V.M., Correa, F.M. (2010) Comparação entre níveis de inóculo, época de avaliação e variáveis para seleção de *Psidium* spp. visando à resistência a *Meloidogyne mayaguensis*. Nematologia Brasileira, 34: 82–90.

- Carneiro, R.M.D.G., Moreira, W.A, Almeida, M.R.A., Gomes, A.C.M.M. (2001) Primeiro registro de *Meloidogyne mayaguensis* em goiabeira no Brasil. *Nematologia Brasileira*, 25: 223-228.
- Carneiro, R.M.D.G., Ciroto, P.A., Quintanilha, A.P., Silva, D.B., Carneiro, R.G. (2007) Resistance to *Meloidogyne mayaguensis* in *Psidium* spp. Accession sand their grafting compatility with *P. guajava* cv. Paluma. *Fitopatologia Brasileira*, 32: 281-284.
- Castro, J.M.C., Ribeiro, J.M., Ribeiro Júnior, P.M., Almeida, E.J., Sousa, A.D., Oliveira, P.G. (2017) Reproduction of the guava root-knot nematode in *Psidium* accessses. *Comunicata Scientiae*, 8 (1): 149-154.
- Carneiro, R. M. D. G., Santos, M. F. A., Castro, J. M. C. Nematodes. In: MITRA S. Guava: botany, productions and uses. Wallingford (UK): CABI, 2021. p. 270-284
- Castro, J. M. C. (2019) *Meloidogyne enterolobii* e sua evolução nos cultivos brasileiros. *Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, 306: 41-48.
- Coolen, W.A., D'herde, C.J. (1972) A method for the quatitative extraction of nematodes from plant tissue. Ghent: State Nematology and Entomology Research Station, 77p.
- Curtis, R.H.C., Robinson, A.F., Perry, R.N. (2009) Taxonomy, identification and principal species. In: Perry, R.N.; Moens, M. & Starr, J.L. (eds.). Root-knot Nematodes. Cabi.London, 139–162.
- Ferreira, D. F (2019) SISVAR: A computer analysis system to fixed effects split plot type designs. *Revista Brasileira de Biometria*, 37 (4): 529-535.
- Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: < <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/> >. Acesso em: 28 Jan 2025.
- Freitas, V.M., Correa, V.R., Motta, F.C., Sousa, M.G., Gomes, A.C.M.M., Carneiro, M.D.G., Silva, D.B., Mattos, J.K., Nicole, M., Carneiro, R.M.D.G. (2014) Resistant accessions of wild *Psidium* spp. to *Meloidogyne enterolobbi* and histological characterization of resistance. *Plant Pathology*, 63: 738- 746.

Gabriel, M., Kulczynski, S. M., Santos, M. F. A., Souza, C. F. B., Muniz, M. F. B., Boiteux, L. S., Carneiro, R. M. D. G. (2022) A novel virulent Brazilian pathotype of *Meloidogyne javanica* towards the tomato Mi-1.2 gene and pathogenicity to resistant rootstock. *Journal of Plant Disease and Protection*, 129: 1269-1276.

Gomes, V.M., Ribeiro, R.M., Viana, A.P., Souza, R.M., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Almeida, O.F. (2017) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 148 (3): 699–708.

Gomes, V.M., Souza, R.M., Mussi-Dias, V., Silveira, S.F. Dolinski, C. (2011) Declínio da goiabeira: doença complexa envolvendo *Meloidogyne enterolobii* e *Fusarium solani*. *Journal of Phytopathology*, 159: 45-50.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2023). Produção agropecuária: Goiaba. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/goiaba/br>>. Acesso 03 de janeiro de 2025.

Lima, I.M., Dolinski, C.M., Souza, R.M. (2003) Dispersão de *Meloidogyne mayaguensis* em goiabais de São João da Barra (RJ) e relato de novos hospedeiros dentre plantas invasoras e cultivadas. *Nematologia Brasileira*, 27: 257- 258.

Luquini, L., Barbosa, D., Ferreira, C., Rocha, L., Haddad, F. & Amorim, E. (2019) First report of the root-knot nematode *Meloidogyne enterolobii* on bananas in Brazil. *Plant Disease*, 103:377.

Miranda, G.B., Souza, R.M., Gomes, V.M., Ferreira, T.F., Almeida, A.M. (2012) Avaliação de acessos de *Psidium* spp. quanto à resistência a *Meloidogyne enterolobii*. *Bragantia*, 71 (1): 52-58.

Moens, M., Perry, R., Starr, J. (2009) *Meloidogyne* species- a diverse group of novel and important plant parasites. Pp. 483 In: PERRY RN, MOENS M, STARRY JL (eds) *Root-Knot nematodes*. Texas/USA, CAB internacional, p. 1-13.

Moura, R. M., Regis, E. M. O. (1987) Reações de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) em relação ao parasitismo de *Meloidogyne javanica* e *M. incognita* (Nematoda: Heteroderidae). *Nematologia Brasileira*, 11: 215-225.

Muniz M. F. S., Campos, V. P., Moita, A. W., Gonçalves, W., Almeida, M. R. A., Sousa, F. R. D., Carneiro, R. M. D. G. (2009) Reaction of coffee genotypes to different populations of *Meloidogyne* spp.: detection of a naturally virulent *M. exigua* population. *Tropical Plant Pathology*, 34: 370-378.

Oostenbrink, M. (1966) Major characteristic of the relation between nematodes and plants. Wageningen: Medelingen Landbouwhogeschule, 46p.

Pessanha, P.G.O., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T., Souza, R.M., Teixeira, M.C., Pereira, M.G. (2011) Assessment of genetic diversity in access to *Psidium* spp. via RAPD markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33: 129-136.

Prezotti, Luiz Carlos; Guarçoni, André M. (2013) Guia de interpretação de análise de solo e foliar. Vitória, ES: Incaper. 104 p. ISBN 978-85-89274-21-0.

Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Junior, A. T. (2017) Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39 (2): 859-866.

Rezende, R.M., Andrade, V.T., Salgado, S.M.L., Rezende, J.C., Menezes, JO., Carvalho, G.R. (2017) Genetic gain in the resistance of Arabica coffee progenies to root-knot nematode. *Crop Science*, 57: 1355-1362.

Ribeiro, R.M., Gomes, V.M., Viana, A.P., Souza, R.M.D., Santos, P.R.D. (2019) Selection of interspecific *Psidium* spp. hybrids resistant to *Meloidogyne enterolobii*. *Acta Scientiarum Agronomy*, 41: 1-11.

Singh, N. (2020) Emerging problem of guava decline caused by *Meloidogyne enterolobii* and *Fusarium oxysporum* f.sp. *psidii*. *Indian Phytopathology*. 73 (2): 373–374.

Souza, C. D. B., Cruz, A., Dias, C. D. S., de Almeida, S. F., dos Santos, M. F. A., Cares, J.; Souza, C. F. D. B. (2024) Avaliação do espectro de resistência do porta-enxerto BRS Guaraçá a diferentes populações de *Meloidogyne enterolobii*. *Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia*, 383:1-10.

Souza, C. F. B.; Galbieri, R.; Belot, J-L.; Negri, B. F.; Perina, F. J.; Cares, J. E.; Carneiro, R. M. D. G. (2020) Occurrence of a new race of *Meloidogyne enterolobii* and

avirulent *M. incognita* populations parasitizing cotton in western Bahia state, Brazil. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 121: 101874.

CONCLUSÃO GERAL

- As famílias 5, 3, 8, 4, 9 e 7 são indicadas como as melhores, pois foram promissoras para número de frutos e produção total frutos.
- Os indivíduos pertencentes a essas famílias foram selecionados e autofecundados para a obtenção das famílias S₃, possibilitando assim a continuidade do programa em desenvolvimento.
- A baixa repetibilidade observada para as características avaliadas, sugere a necessidade de um maior número de avaliações para assegurar resultados mais confiáveis.
- Com base nas distâncias genéticas de Gower, o dendrograma permitiu a formação de 4 grupos, evidenciando a divergência entre os indivíduos das famílias endogâmicas S₂ de goiabeira, sendo o indivíduo 194 (família 5) e o indivíduo 293 (família 9) os mais divergentes.
 - Os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética das famílias endogâmicas, foram a produção total e o número de frutos.
- Todas as famílias e plantas avaliadas nas famílias endogâmicas S₂ e S₃ foram suscetíveis de acordo com o critério de Oostenbrink (1966), não apresentando resistência a *M. enterolobii*.
- De acordo com o critério de Moura e Régis (1987), algumas famílias/plantas foram classificadas como pouco resistentes (PR), o que é interessante em programas de melhoramento, visto que não há nenhum material de *P. guajava* que apresente resistência ao *M. enterolobii*, com isso, essas plantas classificadas como PR podem ter sua resistência explorada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abad, P., Castagnone-Sereno, P., Rosso, M.N., Engler, J.D.A., Favery, B. (2009) Invasion, feeding and development. *In*: Perry, R., Moens, M., Starr, J. (ed.) Root-knot nematodes. Wallingford, UK: CABI, p.163-181.
- Alves, F.M., Resende, M.D.V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:696-701.
- Amaral Junior, A.T. do, 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. 1. ed. Viçosa: Arka, p.250.
- Ambrósio, M. (2020) Parecência genética e superioridade genotípica de famílias S1 de *Psidium guajava* via modelos mistos aplicada a seleção truncada e simultânea. Doutorado em Produção Vegetal - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes - RJ, 120p.
- Ambrósio, M., Viana, A.P., Ribeiro, R.M., Preisigke, S.C., Cavalcante, 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. *Scientia Agricola*, 78:1-9.
- Assunção, M.P., Krause, W., Dallacort, R., Santos, P.R.J., Neves, L.G. (2015) Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. *Revista Caatinga*, 28:57-63.
- Atroch, A.L., Nascimento Filho, F.J. do, Resende, M.D.V. de, Lopes, R., Clement, C.R. (2010) Avaliação e seleção de progênes de meios-irmãos de guaranazeiro. *Revista de Ciências Agrárias*, 53:123-130.

Bohry, D., Berilli, A.P.C.G., Silva Berilli, S., 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*, 62:1.

Campos, B.M., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Barbosa, C.D., Daher, R.F. (2016) Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38:151-157.

Campos, B.M., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., 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.

Carneiro, R.M.D.G., Almeida, M.R.A. (2001) Técnica de eletroforese usada no estudo de enzimas dos nematoides de galha para identificação de espécies. *Nematologia Brasileira*, 25:35-44.

Cavalcante, N.R., Viana, A.P., Almeida Filho, J.E., Pereira, M.G., Ambrosio, M., Santos, E.A., Ribeiro, R.M., Rodrigues, D.L., Sousa, C.M.B. (2019) Novel selection strategy for half-sib families of sour passion fruit *Passiflora edulis* (Passifloraceae) under recurrent selection. *Genetics and Molecular Research*, 18:1-12.

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

Cruz, C.D., Regazzi, A.J. (2001) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 1. ed. Viçosa: UFV, 390p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV, 508p.

Curtis, R.H.C., Robinson, A.F., Perry, R.N. (2009) Taxonomy, identification and principal species. In: Perry, R.N., Moens, M., Starr, J.L. (ed.) *Root-knot nematodes*. Wallingford, UK: CABI, p.139-162.

Decker, H., Rodriguez Fuentes, M.E. (1989) The occurrence of root gall nematodes *Meloidogyne mayaguensis* on *Coffea arabica* in Cuba. *Wissenschaftliche Zeitschrift der Wilhelm-Pieck-Universität Rostock, Naturwissenschaftliche Reihe*, 38:32-34.

Dinesh, M.R., Vasugi, C. (2010) Guava improvement in India and future needs. *Journal of Horticultural Sciences*, 5:94-108.

Dos Santos, T.G., Neto, J.L.P., Silva Chaves, S.F. da, Alves, R.M., Silva, A.B.M. da, José, A.R.M. (2022) Caracterização da estrutura genética de uma população de cupuaçuzeiro coletada em floresta primária. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 17:e1592.

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.

Fischer, I.H., Rezende, J.A.M. (2005) Doenças da goiabeira. *In*: Kimati, H., Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamin Filho, A., Camargo, L.E.A. (ed.) *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2, p.401-419.

Freitas, V.M., Correa, V.R., Motta, F.C., Sousa, M.G., Gomes, A.C.M.M., Carneiro, M.D.G., Mattos, J.K., Nicole, M., Carneiro, R.M.D.G. (2014) Resistant accessions of wild *Psidium* spp. to *Meloidogyne enterolobii* and histological characterization of resistance. *Plant Pathology*, 63:738-746.

Galbieri, R., Davis, R.F., Scoz, L.B., Belot, J.L., Skantar, A.M. (2020) First report of *Meloidogyne enterolobii* on cotton in Brazil. *Plant Disease*, 104:2295-2295.

Gomes Filho, A.G. (2009) Diversidade genética em acessos de goiabeiras (*Psidium guajava* L.) provenientes de Bom Jesus do Itabapoana-RJ. Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes – RJ, 134p.

Gomes, V.M., Ribeiro, R.M., Viana, A.P., Souza, R.M., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Almeida, O.F. (2017) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 148:699–708.

Gomes, V.M., Souza, R.M., Almeida, A.M., Dolinski, C. (2014) Relationships between *M. enterolobii* and *F. solani*: spatial and temporal dynamics in the occurrence of guava decline. *Nematoda*, 1:1-10.

Gomes, V.M., Souza, R.M., Mussi-Dias, V., Silveira, S.F., Dolinski, C. (2011) Declínio da goiabeira: doença complexa envolvendo *Meloidogyne enterolobii* e *Fusarium solani*. *Journal of Phytopathology*, 159:45-50.

Gonzaga Neto, L. (2007) Produção de goiaba. Fortaleza: Instituto Frutal, 64p.

Gower, J.C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27:857–871.

Henderson, C.R. (1973) Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science*, 36:10-41.

Hernández-Delgado, S., Padilla-Ramírez, J.S., Nava-Cedillo, A., Mayek-Pérez, N. (2007) Morphological and genetic diversity of Mexican guava germplasm. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, 5:131–141.

Huang, C.S., Maggenti, A.R. (1969) Mitotic aberrations and nuclear changes of developing giant cells in *Vicia faba* caused by root-knot nematode *Meloidogyne javanica*. *Phytopathology*, 59:447-455.

Jones, J.T., Haegeman, A., Danchin, E.G.J., Gaur, H.S., Helder, J., Jones, M.G.K., Kikuchi, T., Manzanilla-López, R., Palomares-Rius, J.E., Wesemael, W.M.L., Perry, R.N. (2013) Top 10 plant parasitic nematodes in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, 14:946–961.

Koller, O.C. (1979) Cultura da goiabeira. Porto Alegre: Livraria e Editora Agropecuária Ltda., 44p.

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.

Lima, J.A., Viana, A.P., Correa, C.C.G., Mendes, D.S., Santos, E.A., Silva, F.A., Costa, T.C. (2024) Impact of self-pollination on the genetic diversity of inbred families of *Psidium guajava* L. *Euphytica*, 220:132.

Luquini, L., Barbosa, D., Ferreira, C., Rocha, L., Haddad, F., Amorim, E. (2019) First report of the root-knot nematode *Meloidogyne enterolobii* on bananas in Brazil. *Plant Disease*, 103:377.

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., Lopez Garcia, A.E.B., Leite, R.S.S.F. (ed.) Goiaba: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos. 2. ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos (ITAL), p.6:1-119.

Mendes, G.G.C., 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.

Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, 20:359-363. DOI 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.

Natale, W., Coutinho, E.L.M., Boaretto, A.E., Pereira, F.M. (1996) Goiabeira: calagem e adubação. Jaboticabal: FUNEP, 22p.

Nguyễn, V.P., Bellafigliore, S., Petitot, A.S., Haidar, R., Bak, A., Abed, A., Gantet, P., Mezzalana, I., Engler, J.A., Fernandes, D. (2014) *Meloidogyne incognita* – rice (*Oryza sativa*) interaction: a new model system to study plant–root-knot nematode interactions in monocotyledons. *Rice*, 7:1-13.

Oliveira, I.P., Oliveira, L.C., Moura, C.S.F.T., Lima Júnior, A.F., Rosa, S.R.A. (2012) Cultivo da goiabeira: do plantio ao manejo. *Revista Faculdade Montes Belos*, 5:137-156.

Oliveira, N.N.S., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Paiva, C.L., Marinho, C.S. (2014) Analysis of genetic distance between accessions of the genus *Psidium* by random markers ISSR. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36:917-923.

Padilla-Ramirez, J.S., González-Gaona, E., Ambríz-Aguilar, J. (2012) International market of fresh and processed guava: Challenges and perspectives for the Mexican case. *Acta Horticulturae*, 959:15-22.

Paiva, C.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Freitas, J.C.O., Amaral Júnior, A.T. (2016) Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia*, 75:418-427.

Pereira, F.M. (1995) *Cultura da goiabeira*. Jaboticabal: FUNEP, 47p.

Pereira, F.M., Martinez Jr., M. (1986) *Goiabas para industrialização*. Jaboticabal: Legis Suma, 142p.

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.

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 accessions of *Psidium* spp. via RAPD markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:129-136. DOI doi.org/10.1590/S0100-29452011000100018.

Piedade Neto, A., Malagutti, A.M., Dondelli, L.E.R. (2003) Potencialidades e perspectivas da cultura da goiabeira. *In*: Costa, A.de F.S., Costa, A.N. (ed) Tecnologias para produção de goiaba. Vitória, ES: Incaper, p.11-24.

Piza Junior, C.T., Kavati, R. (1994) A poda da goiabeira de mesa. Campinas: CATI, 30p.

Pommer, C.V., Murakami, K.R.N. (2009) Breeding Guava (*Psidium guajava* L.). *In*: Jain, S.M.; Priyadarshan, P.M. (ed.) Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species. New York: *Springer*, p.83-120.

Pommer, C.V., Oliveira, O.F., Santos, C.A.F. (2012) Goiaba: recursos genéticos e melhoramento. Mossoró-RN: EdUfersa, 126p.

Produção agropecuária: goiaba. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), 2023. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/goiaba/br>. Acesso em: 05 de abril de 2024.

Purseglove, J.W. (1968) Tropical crops (Dicotyledons). London, UK: Longmans, Green and Co. Ltd., 1: 273-276.

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 doi.org/10.1590/1983- 21252017v30n408rc.

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. *Colloquium Agrariae*, 16:77-86.

Rai, M.K., Asthana, P., Jaiswal, V.S., Jaiswal, U. (2010) Biotechnological advances in guava (*Psidium guajava* L.): Recent developments and prospects for further research. *Trees – Structure and Function*, 24:1-12.

Resende, M.D.V. (2000) Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, Documento 47, 101p.

Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.

Resende, M.D.V. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 435p.

Ribeiro, C. (2018) A goiabada vence a crise: gigante brasileira espera crescer 20%. Globo Rural: Empresas & Negócios, 20 de jul. de 2018. Disponível em: <https://globorural.globo.com/Noticias/Empresas-e-Negocios/noticia/2018/07/goiabada-vence-crise-gigante-brasileira-espera-crescer-20porcento.html>. Acesso em: 15 de janeiro de 2025.

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

Santos, C.A.F. (2020) Produção de mudas do BRS Guaraçá: porta enxerto de goiabeira resistente ao nematoide-das-galhas. 1. ed. Petrolina: Embrapa Semiárido, Comunicado técnico, 174, 8p.

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 doi.org/10.1590/S1984-70332011000200007.

Santos, R.M., Viana, A.P., Santos, E.A., Souza, R.M., Almeida, O.F., Gomes, V.M., Rodrigues, D.L., Santos, P.R. (2020) Genetic structuring of segregating populations of *Psidium* spp resistant to the southern root-knot nematode by Bayesian approach as basis for the guava breeding program. Anais da Academia Brasileira de Ciências, 92:1–18.

Shigueoka, L.H., Dorigo, O.F., Arita, L.Y., Fonseca, I.C.B., Silva, S.A., Sera, G.H., Machado, A.C.Z. (2019) Histopathological characterization of *Coffea arabica* cultivar IPR 106 resistance to *Meloidogyne paranaensis*. *Scientia Agricola*, 76:434–438.

Silva, F.A., Correa, C.C.G., Carvalho, B.M., Viana, A.P., Preisigke, S.C., Amaral Júnior, A.T. (2021) Novel approach to the selection of *Psidium guajava* genotypes using latent traits to bypass multicollinearity. *Scientia Agricola*, 78:5–13.

Silva, F.A., Viana, A.P., Guedes, C.C.C., Carvalho, B.M., Sousa, C.M.B. (2020) Impact of Bayesian inference on the selection of *Psidium guajava*. *Scientific Reports*, 10:1999–2008.

Soubiê Sobrinho, J. (1951) Estudos básicos para o melhoramento da goiabeira (*Psidium guajava* L.). Doutorado em Agronomia - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 166p.

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

Tapia-Vázquez, I., Montoya-Martínez, A.C., Santos-Villalobos, S.L., Ek-Ramos, M.J., Montesinos-Matías, R., Martínez-Anaya, C. (2022) Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) a threat to agriculture in México: biology, current control strategies, and perspectives. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 38:1–18.

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.

Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. Rio de Janeiro: Interciência, 282p.

Westerich, J.N., Rosa, J.M.O., Wilcken, S.R.S. (2011) Estudo comparativo da biologia de *Meloidogyne enterolobii* (= *M. mayaguensis*) e *Meloidogyne javanica* em tomateiros com gene Mi. Summa Phytopathologica, 37:35–41.

Yang, B., Eisenback, J.D. (1983) *Meloidogyne enterolobii* n. sp. (Meloidogynidae), a root-knot nematode parasitizing Pacara Earpod Tree in China. Journal of Nematology, 15:381–391.