

PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *Psidium cattleianum* Sabine: UMA
ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA, MORFOLÓGICA E MOLECULAR

RECIFE
PERNAMBUCO - BRASIL
MARÇO – 2025

PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *Psidium cattleianum* Sabine: UMA
ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA, MORFOLÓGICA E MOLECULAR

Tese apresentada ao Programa de Pós-
Graduação em Ciências Florestais da
Universidade Federal Rural de
Pernambuco, para obtenção do Título de
Doutor em Ciências Florestais.

Orientador:

Prof. Dr. Ricardo Gallo

Coorientadores:

Prof. Dr. Marcone Moreira Santos

Dr. José Severino Lira Júnior

RECIFE
PERNAMBUCO – BRASIL
MARÇO – 2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE
Bibliotecário(a): Auxiliadora Cunha – CRB-4 1134

S237c Santos, Paulo César da Silva.
Caracterização de acessos de *Psidium cattleyanum* Sabine: uma abordagem bibliométrica, morfológica e molecular / Paulo César da Silva Santos. – Recife, 2025.
136 f.; il.

Orientador(a): Ricardo Gallo.

Co-orientador(a): Marcone Moreira Santos.

Co-orientador(a): José Severino Lira Júnior.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais, Recife, BR-PE, 2025.

Inclui referências e anexo(s).

1. Araçá. 2. Compostos bioativos. 3. Evolução fenotípica. 4. Diversidade genética 5. Marcadores genéticos. I. Gallo, Ricardo, orient. II. Santos, Marcone Moreira, coorient. III. Júnior, José Severino Lira, coorient. IV. Título

CDD 634.9

PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS

**CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *Psidium cattleyanum* Sabine: UMA
ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA, MORFOLÓGICA E MOLECULAR**

Aprovado em: 31/03/2025

Banca examinadora:

Dr. Amaro Lira Costa Neto
Instituto Agrônômico de Pernambuco – IPA

Prof^ª. Dr^ª Isane Vera Karsburg
Departamento de Ciências Biológicas – Universidade do Estado de Mato Grosso

Prof^ª. Dr^ª Gheysa Coelho Silva
Departamento de Agronomia – Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. Sergio Heitor Sousa Felipe
Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade – Universidade Estadual do Maranhão

Orientador:

Prof. Dr Ricardo Gallo
Departamento de Ciência Florestal – Universidade Federal Rural de Pernambuco

RECIFE
PERNAMBUCO – BRASIL
MARÇO – 2025

*Aos meus pais, Genilda e Otávio, cujos sonhos de me ver crescer
me guiaram nessa jornada.*

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Universidade Federal Rural de Pernambuco, ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e a todos os professores, pelos conhecimentos adquiridos.

À CAPES por todo o apoio financeiro, sem tal não seria possível o andamento desta pesquisa.

Ao meu orientador, Prof. Ricardo Gallo, pela paciência, apoio e dedicação, não apenas na orientação acadêmica, mas por ser um exemplo de integridade, ética e humanidade. Agradeço imensamente por nunca medir esforços para solucionar qualquer dificuldade, sempre incentivando o meu crescimento pessoal e profissional.

Aos meus pais, agradeço do fundo do coração pelo amor incondicional, pelo apoio e incentivo nos momentos de dúvida. Vocês sempre acreditaram em mim e foram a base de todas as minhas conquistas.

Aos amigos que caminharam ao meu lado, obrigado por cada palavra de incentivo, por compartilhar momentos de alegria e por me apoiar nos dias difíceis. Vocês tornaram essa jornada mais leve.

Ao grupo de pesquisa PROPAGAR, meu muito obrigado pela colaboração, pelas trocas de experiências e pelo ambiente de respeito e parceria que tanto contribuiu para o meu crescimento profissional e pessoal.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	9
2. REVISÃO DE LITERATURA	11
2.1 Aspectos gerais da <i>Psidium cattleianum</i> Sabine	11
2.1.1 Poliploidia	12
2.1.2 Sistema reprodutivo.....	13
2.1.3 Polinizadores da <i>P. cattleianum</i>	14
2.1.4 Apomixia	15
2.2 Recursos genéticos da <i>P. cattleianum</i>	15
2.3 Diversidade genética.....	17
2.3.1 Caracterização morfológica de plantas	19
2.3.2 Caracterização molecular	20
2.3.3 Seleção simultânea de características.....	21
2.4 Estudos bibliométricos.....	22
3. REFERÊNCIAS	24
CAPÍTULO I	36
<i>Psidium cattleianum</i> Sabine: Uma abordagem bibliométrica focada em suas propriedades bioativas e aplicações	36
1. INTRODUÇÃO	39
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	40
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
3.1 Publicações e artigos mais citados	40
3.2 Análise de autores, organizações e países	45
3.3 Análises de tendências de palavras-chave.....	50
3.4 Compostos fitoquímicos presentes na <i>P. cattleianum</i>	53
3.5 Carotenóides	57
3.6 Composto volátil.....	57
3.7 Propriedades bioativas e funcionais da <i>P. cattleianum</i>	58
3.8 Potencial antioxidante.....	59
3.9 Potencial antimicrobiano	59
3.10 Potencial anticancerígeno	60
3.11 Potencial antidiabético	61
3.12 Perspectivas e oportunidades da <i>P. cattleianum</i> na Indústria farmacêutica	61
3.13 Perspectivas e oportunidades da <i>P. cattleianum</i> na Indústria alimentícia.....	62

3.14 Perspectivas e oportunidades da <i>P. cattleyanum</i> no Melhoramento genético.....	63
4. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	64
5. REFERÊNCIAS	64
CAPÍTULO II.....	74
Divergência genética de acessos <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine com base em descritores morfológicos de frutos	74
1. INTRODUÇÃO	77
2. MATERIAIS E MÉTODOS	78
2.1 Material vegetal e desenho experimental.....	78
2.3 Caracterização do germoplasma	79
2.3.1 Caracteres morfométricos de frutos	80
2.3.2. Parâmetros físicos	80
2.3.3 Parâmetros químicos.....	80
2.4 Análises de dados estatísticos	80
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	82
3.1 Correlação entre caracteres	82
3.2 Parâmetros genéticos	84
3.3 Análise de componentes principais.....	89
3.4 Índice de Mulamba e mock.....	93
5. CONCLUSÕES.....	96
6. REFERÊNCIAS	96
CAPÍTULO III	103
Avaliação da diversidade genética da coleção de germoplasma de <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine usando marcadores de repetição de sequência simples (SSR)	103
1. INTRODUÇÃO	106
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	107
2.1 Area de coleta do material	107
2.2 Extração de DNA genômico e seleção de primers.....	108
2.3 Amplificação de DNA com marcadores SSR	110
2.4 Eletroforese	110
2.5 Análises estatísticas.....	110
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	111
3.1 Análises de agrupamento	115
3.2 Componentes principais.....	118
4. CONCLUSÕES.....	121

5. REFERÊNCIAS	122
CONCLUSÕES GERAIS	128

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I	36
<i>Psidium cattleianum</i> Sabine: Uma abordagem bibliométrica focada em suas propriedades bioativas e aplicações	36
Tabela 1. Os 10 artigos mais citados no período de 2013 a 2023 sobre a <i>P. cattleianum</i> com base na Web of Science©.....	43
Tabela 2. Autores e organizações mais produtivos sobre a <i>Psidium cattleianum</i> Sabine nos últimos 10 anos.....	47
Tabela 3. Compostos fitoquímicos encontrados na <i>P. cattleianum</i>	54
 CAPÍTULO II	75
Análise da divergência genética de acessos <i>Psidium cattleianum</i> Sabine com base em descritores morfológicos de frutos	75
Tabela 1. Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) para os 16 acessos de <i>P. cattleianum</i>	86
Tabela 2. Ordenamento para os 16 acessos de <i>P. cattleianum</i> aplicado aos caracteres: Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Rendimento da polpa (RES); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); pelo índice de ranking médio.....	94
Tabela S1. Descrição das características morfométricas e físico-químicas empregadas para avaliar a divergência genética em frutos de <i>P. cattleianum</i> presentes no Banco de Germoplasma do Instituto agrônomo de Pernambuco (IPA).....	105
 CAPÍTULO III	103
Avaliação da diversidade genética da coleção de germoplasma de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine usando marcadores de repetição de sequência simples (SSR)	103
Tabela 1. Dez pares de primers desenvolvidos para microsatélites do genoma de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine.....	110
Tabela 2. Parâmetros de diversidade genética estimados em 18 acessos de <i>Psidium cattleianum</i> com base em oito primers SSR, incluindo o número de bandas (NB), o índice de Shannon (I), o conteúdo de informação polimórfica (PIC) e o índice de marcador (IM).....	113

Tabela 3. Representação do cluster gerado pelo método de otimização de Tocher modificado com base na dissimilaridade entre os 18 acessos de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine, obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.....	118
---	-----

LISTA DE FIGURAS

REVISÃO DE LITERATURA	11
Figura 1. Flor da <i>P. cattleyanum</i> (A) e presença de polinizador (B)	13
CAPÍTULO I	36
<i>Psidium cattleyanum</i> Sabine: Uma abordagem bibliométrica focada em suas propriedades bioativas e aplicações	36
Figura 1. Número de publicações por ano e categorias WoS relacionados a <i>P. cattleyanum</i>	41
Figura 2. Colaborações entre os países mais produtivos em pesquisa sobre a <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine, baseada em coautoria, visualizada por meio do software VOSviewer.....	50
Figura 3. Tendências de pesquisa sobre a <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine usando palavras-chave do autor, geradas com o software VOSviewer.....	52
Figura 4. Compostos bioativos presentes na <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine e suas aplicações.....	59
CAPÍTULO II	75
Análise da divergência genética de acessos <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine com base em descritores morfológicos de frutos	75
Figura 1. Localização da área do Banco de germoplasma ativo (BAG) de <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine no IPA Itambé, área da coleta de dados do estudo.....	79
Figura 2. Caracterização dos acessos de <i>P. cattleyanum</i> por meio de descritores morfométricos e físico-químicos de frutos, presentes no banco do germoplasma do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, Itambé.....	79
Figura 3. Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres fenotípicos de frutos 16 acessos de <i>Psidium cattleyanum</i> Sabine.....	83
Figura 4. Contribuição relativa dos caracteres físico-químico e morfométricos dos frutos de 16 acessos de <i>P. cattleyanum</i> para os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2).....	90
Figura 5. Bitplot dos 16 acessos de <i>P. cattleyanum</i> , com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação de caracteres físico-químicos e morfométricos de frutos.....	92

CAPÍTULO III	103
Avaliação da diversidade genética da coleção de germoplasma de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine usando marcadores de repetição de sequência simples (SSR).....	103
Figura 1. Localização da área do Banco de germoplasma ativo (BAG) de <i>Psidium Cattleianum</i> Sabine no IPA Itambé, área da coleta de dados do estudo.....	109
Figura 2. Dendrograma baseado na relação genética entre 18 acessos de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine (ponto de corte 0.61) gerados pelo método UPGMA usando 10 marcadores SSR.....	117
Figura 3. <i>Bitplot</i> dos 18 acessos de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine, com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.....	120
Figura 4. Contribuição relativa para os dois primeiros componentes principais com base nos 18 acessos de <i>Psidium cattleianum</i> Sabine, obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.....	121

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *Psidium cattleianum* Sabine: UMA ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA, MORFOLÓGICA E MOLECULAR.** 2025. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior.

RESUMO

O Brasil abriga uma das maiores biodiversidades do mundo, com inúmeras espécies nativas pouco exploradas. A *Psidium cattleianum* Sabine destaca-se entre essas espécies subutilizadas da família Myrtaceae, apresentando um grande potencial para exploração comercial. Assim, o objetivo do estudo é avaliar o potencial bioativo e genético da *P. cattleianum*, por meio de uma abordagem bibliométrica, morfológica e molecular, com vistas a identificar características que possam contribuir para o melhoramento genético e a valorização da espécie. Para isso, no primeiro capítulo foi realizado um estudo sobre o desenvolvimento científico sobre compostos bioativos e aplicações da *P. cattleianum* entre os anos de 2013-2023. No segundo capítulo, avaliou-se a diversidade genotípica com base em características morfológicas de um banco de germoplasma de *P. cattleianum*. Já no terceiro capítulo, pretende-se a diversidade genética e a estrutura populacional do banco de *P. cattleianum* utilizando marcadores do tipo SSR. Nos últimos anos, uma pesquisa sobre *P. cattleianum* cresceu significativamente, destacando seu valor em áreas como ciências de plantas e tecnologia de alimentos. A espécie é uma rica fonte de compostos bioativos com propriedades antioxidantes, antimicrobianas, antiproliferativas e antihiperglicêmicas, além de ser utilizada como matéria-prima para a indústria alimentícia e farmacêutica. Além disso, a variabilidade genética presente no banco de germoplasma oferece potencial para ganhos genotípicos em programas de melhoramento, permitindo a seleção de acessos com características desejáveis para o rendimento e qualidade dos frutos. A identificação de indivíduos como A1.30, A1.40, A1.48, A1.44 e A1.21 ressalta essa capacidade de seleção. A análise dos marcadores SSR revelou diversidade genética em nível molecular entre os acessos do banco de germoplasma. Os marcadores utilizados demonstraram eficiência na distinção dos acessos, contribuindo para a identificação da variabilidade genética presente, o que pode direcionar a seleção de acessos com características desejáveis para futuras cadeias produtivas e programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Araçá; compostos bioativos; caracterização fenotípica; diversidade genética; marcadores SSR

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **CHARACTERIZATION OF *Psidium cattleyanum* Sabine ACCESSORIES: A BIBLIOMETRIC, MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR APPROACH** 2025. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisors: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior

ABSTRACT

Brazil is home to one of the largest biodiversities in the world, with numerous native species that remain underexplored. *Psidium cattleyanum* Sabine stands out among these underutilized species in the Myrtaceae family, showing significant potential for commercial exploitation. Therefore, the aim of this study is to evaluate the bioactive and genetic potential of *P. cattleyanum* through a bibliometric, morphological, and molecular approach, with the goal of identifying traits that could contribute to genetic improvement and the valorization of the species. In the first chapter, a study was conducted on the scientific development of bioactive compounds and applications of *P. cattleyanum* from 2013 to 2023. The second chapter assesses the genotypic diversity based on morphological traits from a germplasm bank of *P. cattleyanum*. The third chapter aims to investigate the genetic diversity and population structure of the *P. cattleyanum* bank using SSR markers. In recent years, research on *P. cattleyanum* has significantly increased, highlighting its value in fields such as plant sciences and food technology. The species is a rich source of bioactive compounds with antioxidant, antimicrobial, antiproliferative, and antihyperglycemic properties, and it is also used as raw material for the food and pharmaceutical industries. Additionally, the genetic variability present in the germplasm bank offers potential for genotypic gains in breeding programs, allowing for the selection of accessions with desirable traits for fruit yield and quality. The analysis of SSR markers revealed genetic diversity at the molecular level among the accessions in the germplasm bank. The markers used proved effective in distinguishing the accessions, contributing to the identification of existing genetic variability. This information can guide the selection of accessions with desirable traits for future production chains and breeding programs for the species.

Keywords: Araçá; bioactive compounds; phenotypic characterization; genetic diversity; SSR markers.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A biodiversidade dos ecossistemas brasileiros abrange uma ampla variedade de espécies frutíferas nativas, muitas das quais ainda são subutilizadas, representando um potencial pouco explorado. Entre essas espécies, destacam-se frutíferas com propriedades bioativas que podem ser destinadas a diversas cadeias produtivas (OMOTAYO; AREMU, 2020; POONIA; KUMAR, 2024).

A subutilização dessas frutíferas reflete não apenas a falta de conhecimento sobre suas propriedades, mas também a falta de investimentos em pesquisas que podem impulsionar seu uso em diferentes setores. O desenvolvimento de tecnologias que agreguem valor a esses recursos naturais possibilita impactos socioeconômicos, principalmente para as comunidades locais que dependem delas para sua subsistência. O potencial dessas espécies tem despertado o interesse de diversos pesquisadores, que buscam estratégias para integrá-las em cadeias produtivas (DUARTE-CASAR *et al.*, 2024; FARIAS *et al.*, 2020).

Para aprofundar a compreensão sobre essas espécies, é fundamental reunir dados sobre tendências de pesquisa, identificar as principais instituições e pesquisadores envolvidos, e explorar fontes relevantes de literatura. Nesse sentido, os estudos bibliométricos são frequentemente usados para avaliar o impacto acadêmico de autores, grupos ou publicações, quantificando o impacto da pesquisa por meio de análises de desempenho e métricas de produtividade. A bibliometria fornece informações sobre o estado atual de uma área do conhecimento, sendo um recurso valioso para o delineamento de futuras linhas de pesquisa (DONTHU *et al.*, 2021; NIELSEN *et al.*, 2023). Assim, a aplicação dessa metodologia pode contribuir diretamente para mapear o panorama científico dessas espécies.

Entre as frutas nativas brasileiras, a *Psidium cattleianum* Sabine, conhecida popularmente como araçá, destaca-se como uma espécie de grande potencial, mesmo que pouco explorada comercialmente. Seus frutos, além de serem consumidos *in natura* e em produtos processados, apresentam compostos bioativos com propriedades antioxidantes, antimicrobianas e antiproliferativas, o que sugere uma aplicabilidade promissora tanto na indústria alimentícia quanto na farmacêutica (PATEL 2012; VINHOLES *et al.*, 2020).

Para viabilizar o uso sustentável dessa espécie, são necessárias estratégias de conservação e manejo adequado de seus recursos genéticos. Neste contexto, os bancos ativos de germoplasma (BAGs) desempenham um papel essencial na preservação da diversidade genética, fornecendo a base para programas de melhoramento genético e

assegurando a conservação das espécies frente a ameaças ambientais, como as mudanças climáticas e a degradação dos ecossistemas. Além disso, os BAGs disponibilizam germoplasma para a reintrodução dessas espécies em seus habitats naturais, contribuindo para a manutenção e recuperação dos ecossistemas (ABELI *et al.*, 2019; SANTONIERI; BUSTAMANTE, 2016; SILVEIRA *et al.*, 2018).

Ao preservar a variabilidade genética, os bancos de germoplasma garantem acesso a um conjunto diversificado de características fenotípicas e genotípicas, essenciais para estimar as informações de interesse para o melhoramento genético (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; CHAVARRÍA-PEREZ *et al.*, 2020; TRIPATHI *et al.*, 2022). Estudos iniciais de caracterização e conservação do germoplasma representam o ponto de partida para o processo de domesticação e melhoramento de espécies frutíferas, permitindo a seleção de características promissoras para gerações futuras (SOUZA, MARILIA *et al.*, 2015).

A caracterização inicial, utilizando descritores morfológicos, constitui o primeiro passo nesse processo, possibilitando a identificação da variabilidade fenotípica e a sua correlação com o potencial de uso em diversas culturas (JESUS *et al.*, 2022; KOLEY *et al.*, 2024; ZHANG, YING *et al.*, 2022). Além de aspectos como morfologia, cor, firmeza e rendimento dos frutos, é fundamental integrar a análise de sua composição química. (FARIA *et al.*, 2021; ZERKANI *et al.*, 2022). Essas avaliações, tanto morfológicas quanto físico-químicas, proporcionam uma base para a seleção de genitores com características de interesse, auxiliando na conservação de recursos genéticos e na maximização do valor nutricional e farmacológico dos frutos, fundamentais para programas de melhoramento que buscam aumentar o rendimento e a qualidade dos frutos (MAULIÓN *et al.*, 2016; SUN *et al.*, 2018; KYRIACOU *et al.*, 2020; JENA *et al.* 2021; NUNES *et al.*, 2021).

Embora os estudos morfológicos forneçam uma base inicial fundamental, a caracterização genética por meio de marcadores genéticos de DNA tem se mostrado altamente eficaz na complementação dessas análises, possibilitando uma melhor caracterização do germoplasma, diversidade genética e na identificação de características de interesse econômico de diversas espécies (KOLEY *et al.*, 2024; ZHANG, YING *et al.*, 2022; ZOU *et al.*, 2023). Entre os métodos utilizados, os baseados na ocorrência em cadeia da polimerase (PCR), como as repetições de sequência simples (SSR), podem ser usados para mapeamento genético, verificação de identidade genética e análise de relações genéticas entre indivíduos (PALAPALA; AKWEE, 2016). Esses métodos são capazes de identificar polimorfismos sem a necessidade de sequenciamento do DNA dos

organismos, oferecendo assim, abordagens simples, econômicas e eficientes para a avaliação da diversidade genética (SÁ *et al.*, 2022).

A integração dessas ferramentas morfológicas e moleculares, para caracterização do germoplasma, aliada a análises de tendências científicas, como a bibliometria, pode fornecer uma visão mais completa do estado atual das pesquisas e das áreas que ainda necessitam de desenvolvimento, como no caso da *P. cattleyanum*. Com isso, as hipóteses abordadas são: (i) estudos recentes na literatura evidenciam que a *P. cattleyanum* apresenta compostos bioativos com propriedades funcionais, capazes de agregar valor à diferentes cadeias produtivas (ii) a diversidade genotípica presente no banco de germoplasma de *P. cattleyanum* permitirá selecionar acessos divergentes em qualidade de frutos, a partir de caracteres morfológicos; e (iii) o banco de *P. cattleyanum* apresenta diversidade genética entre os acessos, permitindo a identificação de relações genéticas por meio de marcadores SSR.

Os objetivos específicos deste estudo buscam explorar lacunas e oportunidades de pesquisa associadas a *P. cattleyanum*. O **Capítulo 1** visa explorar os principais estudos sobre a espécie, utilizando uma metodologia mista que combina análise bibliométrica e revisão de literatura, com foco nos compostos bioativos, propriedades funcionais e nas aplicações de valor agregado. O **Capítulo 2** se propõe a avaliar a diversidade genotípica existente em um banco de germoplasma de *P. cattleyanum*, a partir de descritores morfológicos, a fim de selecionar acessos divergentes e superiores em relação à qualidade dos frutos. Já o **Capítulo 3** busca avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional do banco de *P. cattleyanum* usando marcadores SSR.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais da *Psidium cattleyanum* Sabine

Psidium cattleyanum Sabine é espécie que pertence a família Myrtaceae, um grupo ecologicamente importante de angiospermas nos Neotrópicos (VASCONCELOS *et al.*, 2017). É uma espécie nativa do Brasil e apresenta uma ampla área de ocorrência. A distribuição natural da espécie se estende ao longo da costa atlântica, desde o nordeste do Brasil até o Uruguai (MBOBO *et al.*, 2022). A ampla ocorrência dessa espécie é atribuída à sua significativa plasticidade ambiental, que lhe permite adaptar-se a diferentes condições edafoclimáticas (PEREIRA *et al.*, 2018).

A espécie é popularmente conhecida como araçá, araçazeiro, araçá-amarelo, araçá-vermelho, araçá-rosa (AMARAL *et al.*, 2021; MITRA *et al.*, 2012). É caracterizada

como árvore ou arbusto frutífero perenifólio, podendo atingir 1-4 m de altura (BIEGELMEYER *et al.*, 2011; RASEIRA; RASEIRA, 1996). O sistema reprodutivo da *P. cattleyanum* é predominantemente alógamo, ou seja, a polinização é realizada por agentes externos, como abelhas, e ocorre entre indivíduos diferentes (OLIVEIRA *et al.*, 2021; RASEIRA; RASEIRA, 1996). No entanto, também pode ocorrer a autofecundação em baixa frequência (CARVALHO JUNIOR *et al.*, 2023).

O florescimento ocorre durante um longo período do ano, abrangendo os meses de outubro a novembro, em condições naturais no Sul do país. A espécie quando cultivada em outras regiões, observa-se épocas distintas de florescimento, ocorrendo de junho a dezembro. Os frutos começam a amadurecer a partir do final de setembro, podendo prolongar até março (FRAZON *et al.*, 2009; RASEIRA; RASEIRA, 1996). Considerando a produção de 2 kg por planta, os pomares de *Psidium* spp. podem produzir cerca de 10 toneladas de fruta por hectare (FRAZON *et al.*, 2009).

Botanicamente, os frutos são bagas obovóides ou oblonga, variando entre 2,2 cm e 5 cm. Seu peso pode ultrapassar 20 g em alguns casos, com alto número de sementes (100-200) (MBOBO *et al.*, 2022), e epicarpo com coloração variando de amarelo a vermelho (BIEGELMEYER *et al.*, 2011; PEREIRA *et al.*, 2018). A variedade de cores dos frutos de *P. cattleyanum* pode ser encontrada em diversos locais, onde os indivíduos podem exibir variação na cor tanto em função dos aspectos ecológicos, como pelas condições ambientais que influenciam na adaptação das espécies (VETÖ *et al.*, 2020).

A *P. cattleyanum* pode se reproduzir por meio de sementes ou por propagação vegetativa, como estaquia e enxertia (TNG *et al.*, 2016). A propagação por sementes é a mais comum, pois as sementes são facilmente coletadas e armazenadas (SILVA; PEREZ; PAULA, 2011). No entanto, a propagação vegetativa pode ser preferida em alguns casos, pois permite a manutenção de características desejáveis das plantas-mãe (RODRIGUEZ; PRADELLA; SOUZA; *et al.*, 2016). A enxertia é uma técnica comum na produção comercial nas espécies do gênero *Psidium*, pois permite a obtenção de plantas com características específicas, como resistência a doenças e maior produtividade (CAVALCANTI JUNIOR *et al.*, 2021; MACAN; CARDOSO, 2019; RASEIRA; RASEIRA, 1996; SINGH, KRISHAN KUMAR; KRISHAN; SINGH, 2018).

2.1.1 Poliploidia

O gênero *Psidium* é reconhecido pela sua variabilidade cromossômica, sendo que para este gênero, o número típico de cromossomos é estabelecido como $2n=22$. Os

araçazeiros, como *Psidium guineense* e *Psidium friedrichsthalianum*, são espécies tetraploides com $2n=44$ cromossomos, enquanto a *Psidium myrtoides* é octaploides com $2n=88$ cromossomos. No entanto, na *P. cattleianum*, observam-se citótipos poliploides variando de $2n=44$ a $2n=88$ (SOUZA et al. 2015; MARQUES et al., 2016; NOIA et al., 2017). Machado (2016), descreve 9 citótipos para a espécie, que variam entre $2n=3x=33$ e $2n=12x=132$, demonstrando uma tendência à poliploidia no gênero.

2.1.2 Sistema reprodutivo

A *P. cattleianum* apresenta flores brancas (Figura 1), hermafroditas, com numerosos estames, e com ovário ínfero, em geral com três a quatro lóculos, geralmente com mais de 100 óvulos (RASEIRA; RASEIRA, 1996). A formação hermafrodita das flores permite que ocorram tanto a autopolinização quanto a polinização cruzada, afetando diretamente a diversidade genética dos descendentes.

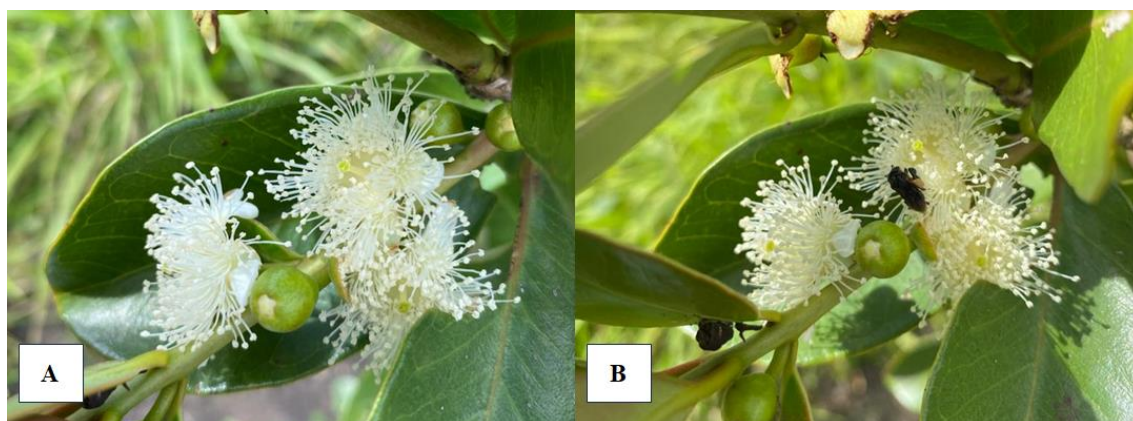


Figura 1. Flor da *Psidium cattleianum* Sabine (A) e presença de polinizador (B)

Fonte: Autor, 2024

Estudos sobre os métodos de polinização em *P. cattleianum*, especialmente em relação à taxa de frutificação, revelam diferenças significativas entre a polinização aberta e a autopolinização. Segundo Raseira e Raseira (1996) e Carvalho Junior *et al.* (2023), a polinização aberta resulta em uma produção de frutos consideravelmente maior em comparação à autopolinização. Além disso, Costa *et al.* (2016) também observaram a formação de frutos por autopolinização, tanto manual quanto espontânea, confirmando a autocompatibilidade da *P. cattleianum*.

Diversos mecanismos podem prevenir a autopolinização, desde a autoincompatibilidade até características fisiológicas e morfológicas da planta e flor (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). Segundo Costa *et al.* (2016) as flores da *P. cattleyanum* não apresentam características morfológicas que dificultem a autopolinização, e, por isso, tanto as anteras rimosas como a disponibilidade abundante de pólen favorecem a autopolinização na espécie.

Em plantas com flores hermafroditas como a *P. cattleyanum*, o sistema reprodutivo pode combinar autofecundações com cruzamentos, de modo que, esses cruzamentos podem ocorrer de forma aleatória ou sistemática. Isso pode resultar em descendentes de polinização aberta, que podem ser compostas por mistura de irmãos com diferentes níveis de relação genética, incluindo irmãos oriundos de autofecundação, irmãos-completos e meios-irmãos (MORI *et al.*, 2013; RITLAND, 1989).

2.1.3 Polinizadores da *P. cattleyanum*

A polinização das *Myrtaceae* é predominantemente realizada por uma diversidade de pequenos insetos, como abelhas, vespas, moscas e besouros, além da participação ocasional de pequenos vertebrados, como pássaros, em que podem ser considerados visitantes florais, polinizadores efetivos ou polinizadores ocasionais (GOMES; PINHEIRO, 2007). Especificamente em *P. cattleyanum*, as abelhas são consideradas os polinizadores mais eficazes, ocupando um papel central na dinâmica reprodutiva da espécie (FRAZON *et al.*, 2009).

A diversidade de visitantes florais da *P. cattleyanum* foi avaliada em um fragmento de Mata Atlântica e em área urbana. Costa *et al.* (2016) registraram que a *P. cattleyanum* atrai uma gama diversificada de polinizadores, categorizados em quatro ordens principais de insetos: Lepidoptera, Diptera, Coleoptera e Hymenoptera. Dentre essas, a ordem Hymenoptera predominou como a mais significativa, com as abelhas sendo os polinizadores mais representativos e efetivos, desempenhando um papel crucial na biologia reprodutiva da espécie. Os atributos florais da *P. cattleyanum* direcionam para uma síndrome melitofila, ou seja, uma polinização principalmente por abelhas. No entanto, é reconhecido que as plantas frequentemente atraem uma ampla variedade de visitantes florais generalistas (OLLERTON *et al.*, 2009).

2.1.4 Apomixia

A apomixia é uma forma de reprodução assexuada que ocorre por meio de sementes, resultando em descendentes geneticamente idênticos à planta-mãe. Neste processo, a progênie é gerada a partir de uma célula ovo não fertilizada e diploide, o que significa que não ocorre a redução do número de cromossomos típica da reprodução sexual (ORTIZ *et al.*, 2013). Essa forma de reprodução foi observada em *P. cattleyanum*.

Em um estudo conduzido por Raseira e Raseira (1996) com botões florais de *P. cattleyanum*, os autores observaram ao emascular e ensacar essas estruturas sem realizar polinização, houve a formação de frutos, sugerindo ocorrência de partenocarpia ou apomixia. A presença de sementes nos frutos e a uniformidade observada na progênie, todas derivadas de uma mesma plantam mãe, aponta para a apomixia como a causa mais provável dessas observações. Esses achados fornecem evidências de que a espécie em estudo pode possuir apomixia de forma facultativa.

2.2 Recursos genéticos da *P. cattleyanum*

Com cerca de 46.500 espécies identificadas, o Brasil possui a maior diversidade e variabilidade genética vegetal do mundo (ZANDONÁ *et al.*, 2020). Apesar do grande valor e do potencial já demonstrados pelas espécies nativas, a domesticação de espécies frutíferas de valor econômico no país ainda requer muitos esforços (MEDINA *et al.*, 2011; VIEIRA; CAMILLO; CORADIN, 2016).

A escassez de informações sobre a biologia das espécies, fisiologia do desenvolvimento, a adaptabilidade e estabilidade frente as modificações climáticas e ambientais, os mecanismos de polinização e dispersão, assim como para os recursos genéticos, têm sido apontados como fatores limitantes que restringem e dificultam a domesticação e propagação dessas espécies (BEZERRA *et al.*, 2018).

Atualmente, com exceção da *Psidium guajava* L., não há plantios de espécies do gênero *Psidium* spp. destinadas a aplicações comerciais ou industriais em larga escala. O germoplasma presente em seu habitat natural, nos diversos biomas onde ocorrem, é praticamente desconhecido (BITTENCOURT *et al.*, 2019) exceto por algumas pequenas coleções ativas mantidas por instituições de pesquisa agropecuária e universidades no país.

Em meio a esse cenário, destaca-se a Embrapa Clima Temperado, que deu início à sua coleção em 1986. Os esforços dedicados a seleção de genótipos culminaram no

lançamento de duas cultivares de araçazeiro nativo da *P. cattleyanum*, as quais são atualmente conhecidas como "Ya-cy" e "Irapuã". A primeira produz frutos com casca amarela, enquanto a segunda, frutos com casca vermelha. Ambas as cultivares foram obtidas por meio da seleção de plantas oriundas de coletas realizadas em distintas regiões do estado. Embora essas cultivares sejam cultivadas em pomares comerciais no Rio Grande do Sul, a escala de cultivo ainda é limitada (RASEIRA *et al.*, 2004).

A Estação Experimental de Itambé, administrada pelo Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), mantém um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *P. cattleyanum* com 29 acessos. No entanto, ainda são necessárias avaliações aprofundadas desses materiais sob critérios morfofisiológicos e agrônomicos. Além disso, a caracterização completa dos recursos genéticos, sua composição química e valor nutricional permanecem pendente, aspectos essenciais para entender o potencial e aplicação desses acessos no mercado consumidor e programas de melhoramento.

Os recursos genéticos possuem diversas formas de conservação, para que haja disponibilidade de material ao melhoramento, podendo ser realizada por meio de coleções *in situ* e/ou *ex situ*. Grande parte das coleções são do tipo *ex situ*, são representadas pelos diversos bancos de germoplasma pelo mundo, onde se conserva a variabilidade genética de uma população de uma espécie (SANTONIERI; BUSTAMANTE, 2016).

Os bancos ativos de germoplasma (BAG) representam coleções vivas de todo o patrimônio genético de uma espécie ou gênero, a qual deve conter uma variabilidade genética mínima, advindas de espécies silvestres, variedades nativas, cultivares obsoletas ou desenvolvidas pelo melhoramento genético, com objetivos de conservação e utilização a longo ou curto prazo (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). Estudos iniciais de caracterização e a conservação do germoplasma constitui o ponto de partida para o processo de domesticação e melhoramento de espécies frutíferas, tanto para a identificação dos acessos quanto para o entendimento da variabilidade genética presente entre eles (SOUZA; MARILIA *et al.*, 2015). Estas análises permitem a seleção de acessos com atributos desejáveis, como elevada produtividade de frutos, características morfológicas desejáveis e resistência a doenças.

Embora as espécies do gênero *Psidium*, e em particular a *P. cattleyanum*, apresentem uma importância significativa para o Brasil, há carência de pesquisas, principalmente ao estudo do seu germoplasma. Com vistas a melhorar a produtividade e o rendimento de frutos da espécie, torna-se crucial a realização de análises abrangentes que englobe a caracterização morfológica, agrônômica, citogenética e molecular do

germoplasma disponível. Estas informações são essenciais para a utilização eficaz dos recursos genéticos da *P. cattleyanum* em aplicações práticas, desde a implementação em cultivos comerciais até a integração em programas de melhoramento genético.

2.3 Diversidade genética

O conhecimento da diversidade genética é fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento vegetal, pois permite identificar e selecionar indivíduos com características desejáveis. A presença e o entendimento dessa variabilidade constituem a base essencial para a prática da seleção (KAVINO *et al.*, 2023). Dispondo de variabilidade genética, os melhoristas podem ampliar as chances de sucesso para encontrar e incorporar características desejáveis e promover avanços na qualidade, produtividade e resistência das plantas. Essa abordagem estratégica é essencial para maximizar o potencial do melhoramento genético e atingir os objetivos estabelecidos (LARA-FIOREZE *et al.*, 2013).

A seleção de genitores e populações segregantes e as melhores combinações entre os genitores são fatores essenciais na obtenção de populações com elevada diversidade genética (MOE; GIRDTHAI, 2013) e na obtenção de genes de interesse. Em função da ampla possibilidade de combinações, a hibridação entre os genitores deve ser a mais favorável possível. A hibridação deve ser estrategicamente planejada para explorar as melhores combinações possíveis, visando o enriquecimento do pool genético com genes que favoreçam altos índices de frutificação.

A caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais abrange uma ampla gama de dados, o que inclui um número considerável de descritores a serem avaliados. Nesse contexto, as análises multivariadas são ferramentas importantes para determinar a diversidade genética, pois possibilitam selecionar indivíduos para programas de melhoramento, bem como identificar e classificar germoplasmas disponíveis a partir de características morfológicas e/ou moleculares (MENDES *et al.*, 2019; UYEDA; CAETANO; PENNELL, 2015). Entre essas técnicas, as análises de agrupamento e componentes principais (PCA) são consideradas um dos métodos mais utilizados e práticos para investigar essa diversidade de espécies (BASHYAL *et al.*, 2022; MARTINS *et al.*, 2020).

A análise de componentes principais é uma técnica que permite reduzir a dimensão dos dados, agrupando as variáveis em menor número de fatores principais (JOLLIFFE; CADIMA, 2016). Esses fatores representam a maior variação dos dados e podem ser

utilizados para a identificação semelhança entre os germoplasmas analisados (ZHANG, YING *et al.*, 2022). Além disso, a técnica permite a visualização dos padrões de similaridade e dissimilaridade entre o germoplasma, auxiliando na seleção de genótipos promissores para programas de melhoramento genético (BASHYAL *et al.*, 2022; KANDEL *et al.*, 2018). Essa técnica é uma ferramenta para o estudo de recursos genéticos vegetais e seu uso tem sido amplamente difundida em pesquisas na área de melhoramento genético de plantas (BOUTSIKA *et al.*, 2021; MOTAHARI *et al.*, 2021; ZHU *et al.*, 2023).

Os métodos de agrupamento consistem em uma técnica que realiza a classificação de amostras em subgrupos ou *clusters* com base em suas características semelhantes, possibilitando a identificação da similaridade e dissimilaridade entre os germoplasmas e, dessa forma, propiciando a seleção dos indivíduos mais promissores para programas de melhoramento genético (MORAES, 2017). Dentre os métodos de agrupamento, os mais usais são os hierárquicos e de otimização.

Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são agrupados por meio de sequência de etapas repetidas em diferentes níveis, até o estabelecimento de um dendrograma com alto conteúdo informativo, em que os indivíduos são agrupados por similaridade/dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Dentre os métodos, o UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) é um método de análise de agrupamento hierárquico que é amplamente utilizado na análise de dados genéticos e filogenéticos (ABDULRAHMAN *et al.*, 2023; RAMESHKUMAR *et al.*, 2019).

As abordagens multivariadas vêm sendo empregadas na avaliação da diversidade genética e na caracterização de germoplasmas do gênero *Psidium* spp. como em *Psidium guajava* L. (MISHRA *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2018) e *Psidium galapageium* O. Berg (URQUÍA *et al.*, 2020a). Alguns desses estudos relataram que as espécies do gênero *Psidium* apresentam alto grau de divergência fenotípica para várias características de interesse.

A análise da diversidade genética do germoplasma é crucial para identificar genótipos que possam ser empregados diretamente como novas variedades de alto rendimento ou genitores em cruzamentos estratégicos. Este processo pode ser realizado por meio da avaliação morfológica e molecular, os quais possibilitam um entendimento abrangente do potencial genético disponível nos recursos genéticos (SOOD *et al.*, 2023).

2.3.1 Caracterização morfológica de plantas

A caracterização e avaliação de coleções de germoplasma apresentam aplicações estratégicas para melhoristas e pesquisas em melhoramento de plantas (JAMIL *et al.*, 2022; NIETSCHKE *et al.*, 2015). Entre os diferentes marcadores, os descritores morfológicos de plantas, como características de sementes, folhas, plantas e frutos, bem como parâmetros físico-químicos devem ser registrados para a seleção dos genitores e são a primeira escolha para descrever e classificar o germoplasma (BALDUZZI *et al.*, 2017; NIETSCHKE *et al.*, 2015a; VÁSQUEZ-GARCÍA *et al.*, 2022).

A existência de diversidade genética no germoplasma para atributos morfológicos, especialmente características de frutos, é indispensável para qualquer programa de melhoramento de plantas com objetivo de avaliar o rendimento de frutos (VÁSQUEZ-GARCÍA *et al.*, 2022). Essa diversidade assegura que uma variedade ampla de características esteja disponível para seleção de características que influenciem diretamente o rendimento dos frutos.

A avaliação de frutos são cruciais na obtenção de informações sobre a diversidade genética dos acessos, abrangendo aspectos físicos, como cor, tamanho, forma e textura (ANDREW *et al.*, 2021; LI *et al.*, 2023; ZHANG *et al.*, 2022), mas também à composição química (FARIA *et al.*, 2021; ZERKANI *et al.*, 2022). Uma caracterização adequada desses recursos permite ao melhorista estabelecer estratégias de conservação e manejo dos recursos genéticos para maximizar o valor nutricional e farmacológico dos frutos, selecionar genitores para hibridação, bem como identificar as características que contribuem significativamente para a diversidade total da coleção, utilizando técnicas estatísticas (JENA; AGARWAL; CHAND, 2021; KYRIACOU *et al.*, 2020; MAULIÓN *et al.*, 2016; NUNES *et al.*, 2021; SUN *et al.*, 2018).

O rendimento de frutos, sendo um dos principais objetos em programas de melhoramento de espécies frutíferas (MEZZETTI *et al.*, 2018), é diretamente influenciado por características morfológicas. Assim, um germoplasma rico em diversidade oferece aos melhoristas a oportunidade de combinar características desejáveis e incrementar o rendimento, garantindo frutos de qualidade e em quantidade adequada para atender à demanda comercial e nutricional.

Diferentes estratégias de melhoramento têm sido utilizadas para avaliar e selecionar espécies de *Psidium* com foco no rendimento de frutos. Mishra *et al.* (2022) utilizaram características como comprimento e a largura dos frutos, espessura da polpa e

o diâmetro do núcleo da semente para identificar acessos promissores para cultivo comercial e uso em programas de melhoramento genético, com foco na produção e qualidade dos frutos de *Psidium guajava* L. O comprimento, diâmetro, peso do fruto, diâmetro da cavidade do fruto, espessura da polpa externa, número de sementes por fruto, porcentagem de acidez do fruto e sólidos solúveis totais também foram utilizadas para selecionar acessos de elite da *P. guajava* em germoplasma do Paquistão, a fim de avaliar possibilidades de melhorar o rendimento e a qualidade dos frutos (MEHMOOD *et al.*, 2014).

Caracteres físico-químicos, que incluem a cor da casca, massa, diâmetros longitudinal e transversal, formato do fruto, sólidos solúveis, acidez titulável, índice de maturação e conteúdo de vitamina C, foram utilizadas para caracterizar e avaliar genótipos de *Psidium schenckianum* Kiaersk., *Psidium guineense* Sw. e *Psidium grandifolium* Mart. ex DC. Estes parâmetros são fundamentais para entender a variabilidade genética e determinar o potencial de uso desses genótipos em programas de melhoramento e conservação.

A integração dessas informações em programas de melhoramento genético pode servir de base para desenvolvimento de cultivares mais produtivas e de melhor qualidade. No entanto, para a *P. cattleianum*, não foram estabelecidas abordagens semelhantes de melhoramento para essa espécie, indicando a necessidade de estudos que explorem seu potencial genético e morfológico, a fim de identificar características desejáveis que podem impulsionar sua produção e valor comercial.

2.3.2 Caracterização molecular

Para o estudo da diversidade em plantas a partir de ferramentas moleculares, diversos marcadores moleculares têm sido empregados. Entre eles, destacam-se os RFLPs (polimorfismos de comprimento de fragmentos de restrição) (GOLEIN *et al.*, 2012; KHANCHEZAR *et al.*, 2022), RAPDs (DNAs polimórficos amplificados aleatórios) (GASMI *et al.*, 2022; NASUTION *et al.*, 2021), AFLP (polimorfismos de comprimento de fragmentos amplificados) (HADIPOUR *et al.*, 2020; KUMAR, RAVINDER *et al.*, 2022) e marcadores de repetição de sequência simples (SSR), também conhecidos como microssatélites (MOTAHARI *et al.* 2021; SUDHA *et al.* 2023; KUMAR *et al.* 2023). Os SSR têm se destacado por serem marcadores genéticos multi-alelos altamente informativos, codominantes, experimentalmente reproduzíveis e transferíveis entre espécies relacionadas (LIU *et al.*, 2015).

Kumar *et al.* (2020) desenvolveram 38 novos marcadores genômicos de sequências simples repetidas (g-SSRs) e revelaram uma alta diversidade genética entre os genótipos, inclusive espécies silvestres. Os marcadores mostraram-se eficientes na caracterização e diferenciação dos subgrupos populacionais dentro dos genótipos, fornecendo uma ferramenta valiosa para análises genéticas detalhadas e estudos de diversidade em *P. guajava*.

A avaliação da diversidade genética do germoplasma de *P. guajava* na China foi realizada com 45 indivíduos pertencentes a seis cultivares. Os autores utilizaram 15 pares de primers SSR polimórficos e uma rica diversidade genética, com uma taxa de polimorfismo de 97,01% e 65 bandas polimórficas variando de 102 pb a 500 pb. Os marcadores SSR demonstraram ser ferramentas eficientes para estabelecer as relações genéticas e estimar a diversidade genética entre os acessos de *P. guajava* avaliados (MA *et al.*, 2020). Estes resultados destacam a significativa variabilidade genética presente no germoplasma da *P. guajava*, proporcionando uma base valiosa para futuros programas de melhoramento genético focados no rendimento de frutos.

Machado *et al.* (2021) analisaram a diversidade genética e estrutura populacional em três populações selvagens de *P. cattleyanum* do Brasil, por meio de marcadores SSR. Os autores verificam que as três populações selvagens apresentam diversidade genética e distintos padrões de estrutura populacional. Cada população apresentou um número cromossômico, refletindo diferentes níveis de poliploidia ($2n = 6x = 66$, $2n = 7x = 77$, e $2n = 8x = 88$), o que indica uma variabilidade genética significativa dentro da espécie. Além disso, a análise do DAPC (Análise Discriminante de Componentes Principais) identificou três grupos genéticos distintos, correlacionando-se com as três populações estudadas. Isso sugere que a poliploidia pode estar desempenhando um papel fundamental na diferenciação genética entre as populações.

Com a aplicação de técnicas moleculares, é possível não apenas identificar genótipos superiores com relação a características de interesse, mas também entender os mecanismos genéticos subjacentes que governam as características desejáveis, abrindo caminho para inovações no cultivo da *P. cattleyanum*.

2.3.3 Seleção simultânea de características

Na condução de um programa de melhoramento genético, é necessária a avaliação de vários caracteres com o objetivo de praticar a seleção em alguns deles,

simultaneamente. Assim, o genótipo selecionado deve reunir, ao mesmo tempo, uma série de características de interesse capazes de satisfazer as exigências do produtor ou consumidor (SILVA *et al.*, 2012).

A utilização de índices de seleção são metodologias eficientes a serem utilizadas em estudo genéticos, pois possibilitam a avaliação de múltiplas características simultaneamente, maximizando assim as chances de sucesso em programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre os diversos índices, tem-se destacado a soma de ranks de Mulamba e Mock.

O índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978) tem como objetivo classificar os genótipos em relação a múltiplas características. Para isso, os genótipos são ordenados de acordo com seu desempenho médio em cada característica. Em seguida, as ordens de classificação de cada genótipo em relação a cada característica são somadas, resultando no índice de seleção. Este índice permite a identificação dos materiais que apresentam menores valores no somatório das ordens, indicando que são os mais promissores para o melhoramento genético (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O índice de Mulamba e Mock tem se destacado no melhoramento genético de diversas espécies. A seleção simultânea proporcionou altos ganhos de seleção tanto para produtividade quanto para teor de sólidos solúveis em frutos *Lycopersicon esculentum* Mill. (SÁNCHEZ *et al.*, 2020). Orellana *et al.* (2021) aplicaram o índice para classificar progênies de *Physalis ixocarpa* Brot. com o objetivo de aumentar a produtividade. Os autores concluíram que o índice de seleção simultânea de múltiplas características com base no índice de Mulamba e Mock pode ser recomendada, pois mantém variabilidade genética na população.

No contexto do melhoramento da *P. cattleyanum*, a aplicação de índices de seleção, como o de Mulamba e Mock pode orientar a seleção de plantas que não somente apresentem elevados rendimentos de frutos, mas que também possuam características de interesse como maior tamanho, sólidos solúveis elevados, rendimento de polpa e resistência a doenças. Estas características são fundamentais para atender às demandas tanto do consumo *in natura* quanto para o processamento dos frutos.

2.4 Estudos bibliométricos

Embora o Brasil possua uma variedade de frutas cultivadas, muitas espécies nativas ainda são subutilizadas e desconhecidas para a produção em larga escala e consumo (SCHULZ *et al.*, 2020). Para aprofundar a compreensão sobre essas espécies, é

fundamental reunir dados sobre tendências de pesquisa, identificar as principais instituições e pesquisadores envolvidos, e explorar fontes relevantes de literatura. Nesse contexto, as análises bibliométricas surgem como uma abordagem inovadora, amplamente utilizada em diversas áreas científicas nos últimos anos (DRAGOVIĆ *et al.*, 2024; RODRÍGUEZ-ROJAS *et al.*, 2019).

A bibliometria é uma ferramenta estatística utilizada em pesquisas científicas para analisar a distribuição, as características e o impacto dos artigos publicados em grandes bancos de dados (ZHENG, 2024). Por meio dessa abordagem, é possível obter uma visão abrangente da literatura científica sobre um determinado tema, compilando informações consistentes, como os principais pesquisadores, instituições, países de origem, periódicos e palavras-chave associadas, além de identificar novas tendências de pesquisa (MELO *et al.*, 2021; ZHANG, LILI; LING; LIN, 2023).

O surgimento de bases de dados científicas, como Scopus e Web of Science, facilitou a obtenção de grandes volumes de dados bibliométricos. Com o avanço dessas bases, o interesse acadêmico pela análise bibliométrica tem aumentado nos últimos anos. Esse aumento é impulsionado não apenas pela disponibilidade de dados, mas também pela evolução de softwares especializados, como Gephi, Leximancer e VOSviewer (DONTHU *et al.*, 2021).

Entre esses softwares, o VOSviewer destaca-se por ser uma ferramenta gratuita, intuitiva e acessível, utilizada para a criação e exploração de mapas baseados em dados de rede, com foco principalmente na análise de registros acadêmicos. O software permite a análise de coautoria, coocorrência, citação, acoplamento bibliográfico e links de cocitação, apresentando os resultados em três formatos distintos: rede, sobreposição e visualização de densidade. O VOSviewer não requer conhecimento de programação, tornando-o mais acessível para os usuários. Além disso, é compatível com arquivos de diferentes bancos de dados, aumentando sua aplicabilidade em diversas áreas de pesquisa (ARRUDA *et al.*, 2022; VAN ECK; WALTMAN, 2010).

Essa ferramenta tem sido utilizada em várias áreas de pesquisa, incluindo as ciências agrárias (BAENA-PEDROZA *et al.*, 2021; IKHWANI *et al.*, 2024; PARDO-PARDO; CUERVO-BEJARANO, 2023). Pesquisas focadas nos frutos e subprodutos de espécies como *Eugenia pyriformis* Cambess (SGANZERLA; SILVA, 2022), *Eriobotrya japonica* (Thunb.) Lindl. (COSTA, BRUNO PATRICIO *et al.*, 2022) e *Garcinia brasiliensis* Mart. (MELO *et al.*, 2021) demonstram como as análises bibliométricas podem fornecer informações importantes sobre o potencial de frutas ainda pouco

exploradas no Brasil, destacando áreas emergentes de pesquisa, identificando colaborações significativas e promovendo uma melhor compreensão do impacto acadêmico e potencial produtivo dessas espécies.

3. REFERÊNCIAS

- ABDULRAHMAN, S. S.; DAŞTAN, S. D.; SHAHBAZ, S. E.; SELAMOGLU, Z. Phylogenetic Analysis of *Prunus* Genus Using Nuclear and Chloroplast Gene Markers as a Bioorganic Structure Profiling. **Journal of Molecular Structure**, p. 135300, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/J.MOLSTRUC.2023.135300>.
- ABELI, T.; DALRYMPLE, S.; GODEFROID, S.; MONDONI, A.; MÜLLER, J. V.; ROSSI, G.; ORSENIGO, S. Ex situ collections and their potential for the restoration of extinct plants. **Conservation Biology**, v. 34, n. 2, p. 303–313, 2019. <https://doi.org/10.1111/COBI.13391>.
- AMARAL, S. da C.; ROUX, D.; CATON, F.; RINAUDO, M.; BARBIERI, S. F.; SILVEIRA, J. L. M. Extraction, characterization and gelling ability of pectins from Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) fruits. **Food Hydrocolloids**, v. 121, p. 106845, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FOODHYD.2021.106845>.
- ARRUDA, H.; SILVA, E. R.; LESSA, M.; PROENÇA, D.; BARTHOLO, R. VOSviewer and Bibliometrix. **Journal of the Medical Library Association: JMLA**, v. 110, n. 3, p. 395, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5195/JMLA.2022.1434>.
- BAENA-PEDROZA, A. M.; LONDOÑO-GIRALDO, L. M.; CORPAS-IGUARAN, E. J.; TABORDA-OCAMPO, G. Bibliometric study of volatile compounds in commercial fruits of the Solanaceae family. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 24, p. e2020132, 2021. <https://doi.org/10.1590/1981-6723.13220>.
- BALDUZZI, M.; BINDER, B. M.; BUCKSCH, A.; CHANG, C.; HONG, L.; IYER-PASCUZZI, A. S.; PRADAL, C.; SPARKS, E. E. Reshaping plant biology: Qualitative and quantitative descriptors for plant morphology. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. FEBRUARY, p. 226622, 2017. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2017.00117/BIBTEX>.
- BASHYAL, S.; UPADHYAY, A.; AYER, D. K.; DHAKAL, P.; G.C., B.; SHRESTHA, J. Multivariate analysis of grain amaranth (*Amaranthus* spp.) accessions to quantify phenotypic diversity. **Heliyon**, v. 8, n. 11, p. e11613, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2022.E11613>.
- BEZERRA, J. E. F.; LEDERMAN, I. E.; SILVA-JUNIOR, J. F. da; FRANZON, R. C.; SOUSA-SILVA, J. C.; CAMPOS, L. Z. de O.; PROENÇA, C. E. B. *Psidium* spp. Araçá. In: **Espécies Nativas da Flora Brasileira de Valor Econômico Atual ou Potencial Plantas para o Futuro - Região Centro-Oeste**. Brasília, DF: MMA, 2018. v. 1, p. 1–1161.
- BIEGELMEYER, R.; ANDRADE, J. M. M.; ABOY, A. L.; APEL, M. A.; DRESCH, R. R.; MARIN, R.; RASEIRA, M. do C. B.; HENRIQUES, A. T. Comparative Analysis of

the Chemical Composition and Antioxidant Activity of Red (*Psidium cattleianum*) and Yellow (*Psidium cattleianum* var. *lucidum*) Strawberry Guava Fruit. **Journal of Food Science**, v. 76, n. 7, p. C991–C996, 2011. <https://doi.org/10.1111/J.1750-3841.2011.02319.X>.

BITTENCOURT, G. M.; FIRMIANO, D. M.; FACHINI, R. P.; LACAZ-RUIZ, R.; FERNANDES, A. M.; OLIVEIRA, A. L. Application of Green Technology for the Acquisition of Extracts of Araçá (*Psidium grandifolium* Mart. ex DC.) Using Supercritical CO₂ and Pressurized Ethanol: Characterization and Analysis of Activity. **Journal of Food Science**, v. 84, n. 6, p. 1297–1307, 2019. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.14584>.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. [S. l.]: Oficina dos Textos, 2021.

BOUTSIKA, A. *et al.* Evaluation of parsley (*Petroselinum crispum*) germplasm diversity from the Greek Gene Bank using morphological, molecular and metabolic markers. **Industrial Crops and Products**, v. 170, p. 113767, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2021.113767>. Acesso em: 12 mar. 2023.

CARVALHO JUNIOR, C. R. de N.; LEITE, J. A.; SANTOS, P. C. da S.; SANTOS, R. da S.; SOUZA, M. M. R.; LIRA JÚNIOR, J. S.; GALLO, R. Técnicas de Cruzamentos de *Psidium cattleianum* Sabine para Utilização em Programas de Melhoramento Genético. **Ensaios e Ciência C Biológicas Agrárias e da Saúde**, v. 27, n. 1, p. 64–69, 2023.

CAVALCANTI JUNIOR, E. de A.; MORAES FILHO, R. M. de; ROSSITER, J. G. de A.; MONTARROYOS, A. V. V.; MUSSER, R. D. S.; MARTINS, L. S. S. Reação de genótipos do gênero *Psidium* spp. a *Meloidogyne enterolobii*. **Summa Phytopathologica**, v. 46, n. 4, p. 333–339, 2021. <https://doi.org/10.1590/0100-5405/193123>.

CHAVARRÍA-PÉREZ, L. M.; GIORDANI, W.; DIAS, K. O. G.; COSTA, Z. P.; RIBEIRO, C. A. M.; BENEDETTI, A. R.; CAUZ-SANTOS, L. A.; PEREIRA, G. S.; ROSA, J. R. B. F.; GARCIA, A. A. F.; VIEIRA, M. L. C. Improving yield and fruit quality traits in sweet passion fruit: Evidence for genotype by environment interaction and selection of promising genotypes. **PLOS ONE**, v. 15, n. 5, p. e0232818, 2020. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0232818>.

COSTA, B. P.; IKEDA, M.; MELO, A. M.; ALVES, F. E. S. B.; CARPINÉ, D.; RIBANI, R. H. Eriobotrya japonica fruits and its by-products: A promising fruit with bioactive profile and trends in the food application – A bibliometric review. **Food Bioscience**, v. 50, p. 102099, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2022.102099>.

COSTA, C. C. F.; KRUPKEK, R. A.; DEUS, A. C.; KRAWCZYK, B. Diversidade de visitantes florais e biologia reprodutiva do Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) em fragmento de mata e área urbana. **Bioikos**, v. 29, n. 2, p. 11–18, 2016. <https://periodicos.puc-campinas.edu.br/bioikos/article/view/3151>.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.

DONTHU, N.; KUMAR, S.; MUKHERJEE, D.; PANDEY, N.; LIM, W. M. How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. **Journal of Business Research**, v. 133, p. 285–296, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JBUSRES.2021.04.070>.

DRAGOVIĆ, A.; ZRNIĆ, N.; DRAGOVIĆ, B.; DULEBENETS, M. A. A comprehensive review of Maritime Bibliometric Studies (2014–2024). **Ocean Engineering**, v. 311, p. 118917, 2024. <https://doi.org/10.1016/J.OCEANENG.2024.118917>.

DUARTE-CASAR, R.; GONZÁLEZ-JARAMILLO, N.; BAILON-MOSCOSO, N.; ROJAS-LE-FORT, M.; ROMERO-BENAVIDES, J. C. Five Underutilized Ecuadorian Fruits and Their Bioactive Potential as Functional Foods and in Metabolic Syndrome: A Review. **Molecules**, v. 29, n. 12, p. 2904, 2024. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES29122904>.

FARIAS, D. de P.; ARAÚJO, F. F. de; NERI-NUMA, I. A.; DIAS-AUDIBERT, F. L.; DELAFIORI, J.; CATHARINO, R. R.; PASTORE, G. M. Distribution of nutrients and functional potential in fractions of *Eugenia pyriformis*: An underutilized native Brazilian fruit. **Food Research International**, v. 137, p. 109522, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.109522>.

FRAZON, R. C.; CAMPOS, L. Z. de O.; PROENÇA, C. E. B.; SOUSA-SILVA, J. C. **Araçás do Gênero Psidium: principais espécies, ocorrência, descrição e usos**. Planaltina, DF: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Embrapa Cerrados Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2009.

GASMI, A.; TRIKI, T.; BENABDERRAHIM, M. A.; NAGAZ, kamel; GUASMI, F. Assessing phenolic and molecular diversity of arta (*Calligonum comosum* L.), a wild Tunisian desert plant. **South African Journal of Botany**, v. 151, p. 166–174, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.09.044>.

GOLEIN, B.; BIGONAH, M.; AZADVAR, M.; GOLMOHAMMADI, M. Analysis of genetic relationship between ‘Bakraee’ (*Citrus* sp.) and some known Citrus genotypes through SSR and PCR-RFLP markers. **Scientia Horticulturae**, v. 148, p. 147–153, 2012. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2012.10.012>.

HADIPOUR, M.; KAZEMITABAR, S. K.; YAGHINI, H.; DAYANI, S. Genetic diversity and species differentiation of medicinal plant Persian Poppy (*Papaver bracteatum* L.) using AFLP and ISSR markers. **Ecological Genetics and Genomics**, v. 16, p. 100058, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.EGG.2020.100058>.

IKHWANI, I.; RAHAYUNINGSIH, S.; YUNIARTI, E.; KUSUMA, H. S.; DARMOKOESOMO, H.; PUTRA, N. R. Mapping the trend of evolution: a bibliometric analysis of biopesticides in fruit crop protection. **Journal of Plant Diseases and Protection**, v. 131, n. 3, p. 645–664, 2024. <https://doi.org/10.1007/S41348-024-00879-0/METRICS>.

- JAMIL, A. *et al.* Characterization of indigenous phalsa (*Grewia subinequalis*) genotypes using morphological traits and ISSR markers. **Journal of King Saud University - Science**, v. 34, n. 7, p. 102237, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.JKSUS.2022.102237>.
- JENA, R. C.; AGARWAL, K.; CHAND, P. K. Fruit and leaf diversity of selected Indian mangoes (*Mangifera indica* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 282, p. 109941, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.109941>.
- JESUS, O. N. de; LIMA, L. K. S.; SOARES, T. L.; SILVA, L. N. da; SANTOS, I. S. dos; SAMPAIO, S. R.; OLIVEIRA, E. J. de. Phenotypic diversity and alternative methods for characterization and prediction of pulp yield in passion fruit (*Passiflora* spp.) germplasm. **Scientia Horticulturae**, v. 292, p. 110573, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.110573>.
- JOLLIFFE, I. T.; CADIMA, J. Principal component analysis: a review and recent developments. **Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences**, v. 374, n. 2065, p. 20150202, 2016. <https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>.
- KANDEL, M.; GHIMIRE, S. K.; OJHA, B. R.; SHRESTHA, J. Cluster analysis among the Maize Inbred lines (*Zea mays* L.) under Heat Stress Condition. **International Journal of Global Science Research**, v. 5, n. 1, 2018. <https://doi.org/10.26540/IJGSR.V5.I1.2018.95>.
- KAVINO, M.; SANJANA, U.; AUXCILIA, J.; RAVEENDRAN, M. Evaluation and selection in half-sib progenies of *Psidium guajava* aiming to identify pink pulp with soft seed progeny. **Scientia Horticulturae**, v. 315, p. 111972, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.111972>.
- KHANCHEZAR, A.; IZADPANAH, K.; TAGHAVI, M.; BÉVEN, L. Genetic diversity of strains of *Spiroplasma citri* isolated in southern Iran. **European Journal of Plant Pathology**, v. 163, n. 2, p. 381–392, 2022. <https://doi.org/10.1007/S10658-022-02483-0/FIGURES/5>.
- KOLEY, T.; MAJUMDER, J.; MAHANTA, M.; CHOWDHURI, T. K.; GANTAIT, S. Characterization and diversity assessment of Hibiscus germplasms using morphological, biochemical and molecular markers. **South African Journal of Botany**, v. 169, p. 164–177, 2024. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2024.04.019>.
- KUMAR, C.; KUMAR, R.; SINGH, S. K.; GOSWAMI, A. K.; NAGARAJA, A.; PALIWAL, R.; SINGH, R. Development of novel g-SSR markers in guava (*Psidium guajava* L.) cv. Allahabad Safeda and their application in genetic diversity, population structure and cross species transferability studies. **Plos One**, v. 15, n. 8, p. e0237538, 2020. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0237538>.
- KUMAR, R.; SALAR, R. K.; NAIK, P. K.; YADAV, M.; KUMAR, A.; KUMAR, A.; YOGI, R.; KUMAR, M.; CHHOKAR, V. Elucidation of genetic diversity and population structure of sixty genotypes of *Aloe vera* using AFLP markers. **South African Journal of Botany**, v. 147, p. 1146–1155, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2021.06.008>.

- KUMAR, S.; SINGH, A.; YADAV, A.; BAJPAI, A.; SINGH, N. K.; RAJAN, S.; TRIVEDI, M.; MUTHUKUMAR, M. Identification and validation of novel genomic SSR markers for molecular characterization of guava (*Psidium guajava* L.). **South African Journal of Botany**, v. 155, p. 79–89, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.02.005>.
- KYRIACOU, M. C.; IOANNIDOU, S.; NIKOLOUDAKIS, N.; SERAPHIDES, N.; PAPAYIANNIS, L. C.; KYRATZIS, A. C. Physicochemical characterization and trait stability in a genetically diverse ex situ collection of pomegranate (*Punica granatum* L.) germplasm from Cyprus. **Scientia Horticulturae**, v. 263, p. 109116, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2019.109116>.
- LARA-FIOREZE, A. C. C.; TOMAZ, C. A.; FIOREZE, S. L.; PILON, C.; ZANOTTO, M. D. Genetic diversity among progenies of *Crambe abyssinica* Hochst for seed traits. **Industrial Crops and Products**, v. 50, p. 771–775, 2013. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2013.07.039>.
- LIU, G.; ZHAO, Z.; XIAO, M.; MASON, A. S.; YAN, H.; ZHOU, Q.; FU, D. Repetitive sequence characterization and development of SSR and CMS-gene-specific markers in the *Brassica mitochondrial* genomes. **Molecular Breeding**, v. 35, n. 11, p. 1–12, 2015. <https://doi.org/10.1007/S11032-015-0413-3/FIGURES/3>.
- MA, Z.; LIU, S.; LIANG, Z.; XU, S.; HU, W. Analysis of Genetic Diversity of 45 Guava Germplasm Evaluated Using SSR Markers. **International Journal of Fruit Science**, v. 20, n. 3, p. 385–393, 2020. <https://doi.org/10.1080/15538362.2019.1640168>.
- MACAN, G. P. F.; CARDOSO, J. C. In vitro grafting of *Psidium guajava* in *Psidium cattleianum* for the Management of the *Meloidogyne enterolobii*. **International Journal of Fruit Science**, v. 20, n. 1, p. 106–116, 2019. <https://doi.org/10.1080/15538362.2019.1613468>.
- MACHADO, R. M.; OLIVEIRA, F. A.; MATOS ALVES, F.; SOUZA, A. P.; FORNIMARTINS, E. R. Population Genetics of Polyploid Complex *Psidium cattleianum* Sabine (Myrtaceae): Preliminary Analyses Based on New Species-Specific Microsatellite Loci and Extension to Other Species of the Genus. **Biochemical Genetics**, v. 59, n. 1, p. 219–234, 2021. <https://doi.org/10.1007/S10528-020-10002-1/TABLES/5>.
- MARQUES, A. M.; TULER, A. C.; CARVALHO, C. R.; CARRIJO, T. T.; SILVA FERREIRA, M. F.; CLARINDO, W. R. Refinement of the karyological aspects of *Psidium guineense* (Swartz, 1788): a comparison with *Psidium guajava* (Linnaeus, 1753). **Comparative cytogenetics**, v. 10, n. 1, p. 117–128, 2016. <https://doi.org/10.3897/COMPCTOGEN.V10I1.6462>.
- MARTINS, Z. E.; MACHADO, J. C.; CUNHA, S. C.; BARATA, A. M.; FERREIRA, I. M. P. L. V. O. A chemometric approach to compare Portuguese native hops with worldwide commercial varieties. **Journal of Chemometrics**, v. 34, n. 9, p. e3285, 2020. <https://doi.org/10.1002/CEM.3285>.
- MAULIÓN, E.; ARROYO, L. E.; DAORDEN, M. E.; VALENTINI, G. H.; CERVIGNI, G. D. L. Performance profiling of *Prunus persica* (L.) Batsch collection and

comprehensive association among fruit quality, agronomic and phenological traits.

Scientia Horticulturae, v. 198, p. 385–397, 2016.

<https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2015.11.017>.

MBOBO, T.; RICHARDSON, D. M.; GWYNNE-EVANS, D.; DEACON, J.; WILSON, J. R. U. *Psidium cattleianum* (Myrtaceae) invasions in South Africa: Status and prognosis. **South African Journal of Botany**, v. 150, p. 412–419,

2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.07.002>.

MEDINA, A. L.; HAAS, L. I. R.; CHAVES, F. C.; SALVADOR, M.; ZAMBIAZI, R. C.; DA SILVA, W. P.; NORA, L.; ROMBALDI, C. V. Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) fruit extracts with antioxidant and antimicrobial activities and antiproliferative effect on human cancer cells. **Food Chemistry**, v. 128, n. 4, p. 916–922, 2011.

<https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2011.03.119>.

MEHMOOD, A.; JASKANI, M. J.; KHAN, I. A.; AHMAD, S.; AHMAD, R.; LUO, S.; AHMAD, N. M. Genetic diversity of *Pakistani guava* (*Psidium guajava* L.) germplasm and its implications for conservation and breeding. **Scientia Horticulturae**, v. 172, p. 221–232, 2014. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2014.04.005>.

MELO, A. M. de; ALMEIDA, F. L. C.; CAVALCANTE, A. M. de M.; IKEDA, M.; BARBI, R. C. T.; COSTA, B. P.; RIBANI, R. H. *Garcinia brasiliensis* fruits and its by-products: Antioxidant activity, health effects and future food industry trends – A bibliometric review. **Trends in Food Science & Technology**, v. 112, p. 325–335, 2021.

<https://doi.org/10.1016/J.TIFS.2021.04.005>.

MENDES, G. G. C.; GUSMÃO, M. T. A. de; MARTINS, T. G. V.; ROSADO, R. D. S.; SOBRINHO, R. S. A.; NUNES, A. C. P.; RIBEIRO, W. S.; ZANUNCIO, J. C. Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–9, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41507-4>.

MEZZETTI, B.; GIAMPIERI, F.; ZHANG, Y. T.; ZHONG, C. F. Status of strawberry breeding programs and cultivation systems in Europe and the rest of the world. **Journal of Berry Research**, v. 8, n. 3, p. 205–221, 2018. <https://doi.org/10.3233/JBR-180314>.

MISHRA, D. S.; BERWAL, M. K.; SINGH, A.; SINGH, A. K.; RAO, V. V. A.; YADAV, V.; SHARMA, B. D. Phenotypic diversity for fruit quality traits and bioactive compounds in red-fleshed guava: Insights from multivariate analyses and machine learning algorithms. **South African Journal of Botany**, v. 149, p. 591–603, 2022.

<https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.06.043>.

MITRA, S. K.; IRENAEUS, T. K. S.; GURUNG, M. R.; PATHAK, P. K. Taxonomy and importance of Myrtaceae. **Acta Horticulturae**, v. 959, p. 23–34, 2012.

<https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2012.959.2>.

MOE, S.; GIRDTHAI, T. Relationships of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Accessions Based on Physiological and Agro-morphological Traits. **International journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences**, v. 1, n. 2, p. 375–379, 2013.

MORAES, A. C. P. de; SILVA, F. M. da; ARCENIO, A.; CORRÊA, P.; ORLANDO, A.; MAURO, D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Phenotypic diversity in physic nut (*Jatropha curcas* L.) in vivo germplasm bank for superior parent selection. **African Journal of Biotechnology**, v. 16, n. 17, p. 953–961, 2017.

<https://doi.org/10.5897/AJB2017.15890>.

MORI, E. S.; SEBBENN, A. M.; TAMBARUSSI, E. V.; GUTIERES, R. P. Sistema de reprodução em populações naturais de *Peltophorum dubium* Mating. **Scientia Forestalis**, v. 41, n. 99, p. 307–317, 2013.

MOTAHARI, B.; SHABANIAN, N.; RAHMANI, M. S.; MOHAMMAD-HASANI, F. Genetic diversity and genetic structure of *Acer monspessulanum* L. across Zagros forests of Iran using molecular markers. **Gene**, v. 769, p. 145245, 2021

<https://doi.org/10.1016/J.GENE.2020.145245>.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. Improvement of yield potential of the ETO blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits [Mexico]. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40–51, 1978.

MUÑOZ, E.; VELÁSQUEZ, P.; RODRIGUEZ, K.; MONTENEGRO, G.; GIORDANO, A. Influence of Brassica campestris and Galega officinalis on Antioxidant Activity of Bee Pollen. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 30, n. 3, p. 444–449, 2020. <https://doi.org/10.1007/S43450-020-00065-X/FIGURES/2>.

NASUTION, F.; THEANHOM, A. A.; SUKARTINI; BHUYAR, P.; CHUMPOOKAM, J. Genetic diversity evaluation in wild *Muntingia calabura* L. based on Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. **Gene Reports**, v. 25, p. 101335, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.GENREP.2021.101335>.

NIELSEN, S. B.; LEMIRE, S.; BOURGEOIS, I.; FIERRO, L. A. Mapping the evaluation capacity building landscape: A bibliometric analysis of scholarly communities and themes. **Evaluation and Program Planning**, v. 99, p. 102318, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.EVALPROGPLAN.2023.102318>.

NIETSCH, S.; VENDRAME, W. A.; CRANE, J. H.; PEREIRA, M. C. T.; COSTA, A.; REIS, S. T. Variability in reproductive traits in *Jatropha curcas* L. accessions during early developmental stages under warm subtropical conditions. **GCB Bioenergy**, v. 7, n. 1, p. 122–134, 2015. <https://doi.org/10.1111/GCBB.12113>.

NOIA, L. R.; TULER, A. C.; FERREIRA, A.; FERREIRA, M. F. S. Relationship between *Psidium* species (Myrtaceae) by resistance gene analog markers: Focus on nematode resistance. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. gmr16019441, 2017. <https://doi.org/10.4238/GMR16019441>.

NUNES, E. da C.; UARROTA, V. G.; MORESCO, R.; MARASCHIN, M. Physico-chemical profiling of edible or sweet cassava (*Manihot esculenta* Crantz) starches from Brazilian germplasm. **Food Bioscience**, v. 43, p. 101305, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2021.101305>.

OLIVEIRA, M. L. F.; PEREIRA, T. N. S.; BARBOSA, R. M.; VIANA, A. P. Analysis of the reproduction mode in *Psidium* spp. using the pollen:ovule ratio. **Acta**

Scientiarum. Agronomy, v. 43, n. 1, p. e44062, 2021.

<https://doi.org/10.4025/ACTASCIAGRON.V43I1.44062>.

OLLERTON, J.; ALARCON, R.; WASER, N. M.; PRICE, M. V.; WATTS, S.; CRANMER, L.; HINGSTON, A.; PETER, C. I.; ROTENBERRY, J. A global test of the pollination syndrome hypothesis. **Annals of Botany**, v. 103, n. 9, p. 1471, 2009.

<https://doi.org/10.1093/AOB/MCP031>.

OMOTAYO, A. O.; AREMU, A. O. Underutilized African indigenous fruit trees and food–nutrition security: Opportunities, challenges, and prospects. **Food and Energy Security**, v. 9, n. 3, p. e220, 2020. <https://doi.org/10.1002/FES3.220>.

ORELLANA, J. S. T.; FARIAS, J. W. de S.; SILVA, L. C. C.; PASSOS, A. R. Evaluation and selection in half-sib progenies of *Physalis ixocarpa* Brot. aiming to increase productivity. **Scientia Horticulturae**, v. 290, p. 110531, 2021.

<https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.110531>.

ORTIZ, J. P. A.; QUARIN, C. L.; PESSINO, S. C.; ACUÑA, C.; MARTÍNEZ, E. J.; ESPINOZA, F.; HOJSGAARD, D. H.; SARTOR, M. E.; CÁCERES, M. E.; PUPILLI, F. Harnessing apomictic reproduction in grasses: what we have learned from *Paspalum*. **Annals of Botany**, v. 112, n. 5, p. 767, 2013. <https://doi.org/10.1093/AOB/MCT152>.

PALAPALA, V. A. P.; AKWEE, E. P. Genetic diversity analysis of Kenyan taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott] accessions using SSR markers. **Sky Journal of Agricultural Research**, v. 5, n. 5, p. 76–086, 2016.

PARDO-PARDO, A. M.; CUERVO-BEJARANO, W. J. Assessing the impact of emerging technologies on sustainable fruit production: A systematic review of the literature. **Agronomía Colombiana**, v. 41, n. 3, p. e107255, 2023.

<https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v41n3.107255>

PATEL, S. Exotic tropical plant *Psidium cattleianum*: A review on prospects and threats. **Reviews in Environmental Science and Biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 243–248, 2012. <https://doi.org/10.1007/S11157-012-9269-8/TABLES/1>.

PEREIRA, E. dos S.; VINHOLES, J.; FRANZON, R. C.; DALMAZO, G.; VIZZOTTO, M.; NORA, L. *Psidium cattleianum* fruits: A review on its composition and bioactivity. **Food Chemistry**, v. 258, p. 95–103, 2018.

<https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.03.024>.

POONIA, G.; KUMAR, S. Exploring Bioactive Compounds in Underutilized Fruit Crops of Arid and Semi-Arid Regions: A Comprehensive Review. **Journal of Scientific Research and Reports**, v. 30, n. 7, p. 728–742, 2024.

<https://doi.org/10.9734/JSRR/2024/V30I72184>.

RAMESHKUMAR, R.; PANDIAN, S.; RATHINAPRIYA, P.; SELVI, C. T.; SATISH, L.; GOWRISHANKAR, S.; LEUNG, D. W. M.; RAMESH, M. Genetic diversity and phylogenetic relationship of *Nilgirianthus ciliatus* populations using ISSR and RAPD markers: Implications for conservation of an endemic and vulnerable medicinal plant. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**, v. 18, p. 101072, 2019.

<https://doi.org/10.1016/J.BCAB.2019.101072>.

- RASEIRA, M. do C. B.; RASEIRA, A. **Contribuição ao estudo do araçazeiro, *Psidium cattleianum***. Pelotas, RS: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Agropecuária de Clima Temperado, 1996.
- RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, v. 43, n. 4, p. 848–859, 1989. <https://doi.org/10.1111/J.1558-5646.1989.TB05182.X>.
- RODRIGUEZ, E. A. G.; PRADELLA, E. M.; SOUZA, P. V. D. de; SCHAFER, G. Asexual propagation of araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) by leaf and young branches cuttings. **Revista Árvore**, v. 40, n. 4, p. 707–714, 2016. <https://doi.org/10.1590/0100-67622016000400014>.
- RODRÍGUEZ-ROJAS, A.; OSPINA, A. A.; RODRÍGUEZ-VÉLEZ, P.; ARANA-FLOREZ, R. ¿What is the new about food packaging material? A bibliometric review during 1996–2016. **Trends in Food Science & Technology**, v. 85, p. 252–261, 2019. <https://doi.org/10.1016/J.TIFS.2019.01.016>.
- SÁ, G. H.; LIMA, F. C. D.; VIANA, J. P. G.; LOPES, Â. C. A.; CARVALHO, L. C. B.; VALENTE, S. E. S.; LIMA, P. S. C. Genetic diversity and structure of an active germplasm collection of *Annona squamosa* L. **Ecological Genetics and Genomics**, v. 25, p. 100143, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.EGG.2022.100143>.
- SÁNCHEZ, F. B.; RIBEIRO, L. P.; COTRIM, M. F.; SILVA JUNIOR, C. A.; BHERING, L. L.; TEODORO, P. E. Genetic Gains With Selection for Yield and Soluble Solids Content in Cherry Tomato Hybrids. **HortScience**, v. 55, n. 4, p. 400–402, 2020. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI14415-19>
- SANTONIERI, L.; BUSTAMANTE, P. G. Conservação ex situ e on farm de recursos genéticos: desafios para promover sinergias e complementaridades. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas**, v. 11, n. 3, p. 677–690, 2016. <https://doi.org/10.1590/1981.81222016000300008>.
- SCHULZ, M.; SERAGLIO, S. K. T.; BRUGNEROTTO, P.; GONZAGA, L. V.; COSTA, A. C. O.; FETT, R. Composition and potential health effects of dark-colored underutilized Brazilian fruits – A review. **Food Research International**, v. 137, p. 109744, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.109744>.
- SGANZERLA, W. G.; SILVA, A. P. G. Uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess – Myrtaceae): An overview from the origin to recent developments in the food industry – A bibliometric analysis. **Journal of Agriculture and Food Research**, v. 10, p. 100369, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.JAFR.2022.100369>.
- SILVA, A. L. G.; PINHEIRO, M. C. B. Biologia floral e da polinização de quatro espécies de *Eugenia* L. (Myrtaceae). **Acta Botanica Brasilica**, v. 21, n. 1, p. 235–247, 2007. em: <https://doi.org/10.1590/S0102-33062007000100022>.
- SILVA, A. da; PEREZ, S. C. J. G. de A.; PAULA, R. C. de. Qualidade fisiológica de sementes de *Psidium cattleianum* sabine acondicionadas e armazenadas em diferentes condições. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 2, p. 197–206, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0101-31222011000200001>.

- SILVA, M. G. de M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; GONÇALVES, L. S. A.; REIS, R. V. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 3, p. 493–499, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300011>.
- SILVEIRA, F. A. O.; TEIXIDO, A. L.; ZANETTI, M.; PÁDUA, J. G.; ANDRADE, A. C. S.; COSTA, M. L. N. Ex situ conservation of threatened plants in Brazil: a strategic plan to achieve Target 8 of the Global Strategy for Plant Conservation. **Rodriguésia**, v. 69, n. 4, p. 1547–1555, 2018. <https://doi.org/10.1590/2175-7860201869405>.
- SINGH, K. K.; KRISHAN, C.; SINGH, K. A review: Macro-propagation of guava (*Psidium guajava*). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v. 7, n. 2, p. 2269–2634, 2018.
- SOOD, T.; SOOD, S.; SOOD, V. K.; BADIYAL, A.; ANURADHA; KAPOOR, S.; SOOD, V.; KUMAR, N. Characterisation of bell pepper (*Capsicum annuum* L. var. grossum Sendt.) accessions for genetic diversity and population structure based on agro-morphological and microsatellite markers. **Scientia Horticulturae**, v. 321, p. 112308, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.112308>.
- SOUZA, A. G.; RESENDE, L. V.; LIMA, I. P.; MARTINS, L. S. S.; TECHIO, V. H. Chromosome number and nuclear DNA amount in *Psidium* spp. resistant and susceptible to *Meloidogyne enterolobii* and its relation with compatibility between rootstocks and commercial varieties of guava tree. **Plant Systematics and Evolution**, v. 301, n. 1, p. 231–237, 2015. <https://doi.org/10.1007/S00606-014-1068-Y>.
- SOUZA, T. da S. de; FERREIRA, M. F. da S.; MENINI, L.; SOUZA, J. R. C. de L.; BERNARDES, C. de O.; FERREIRA, A. Chemotype diversity of *Psidium guajava* L. **Phytochemistry**, v. 153, p. 129–137, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.PHYTOCHEM.2018.06.006>.
- SOUZA, M.; DANTAS, A. C. V. L.; FONSECA, A. A. O.; BARROSO, J. P. Caracterização de frutos de genótipos selecionados de umbu-cajazeira (*Spondias* sp.). **Interciencia**, v. 40, n. 5, p. 311–316, 2015.
- SUDHA, R.; RAJESH, M. K.; NIRAL, V.; SAMSUDEEN, K.; SHIL, S.; RAMCHANDER, S.; DIWAKAR, Y. Analysis of genetic diversity and population structure in worldwide coconut germplasm (*Cocos nucifera* L.) using microsatellite markers. **Scientia Horticulturae**, v. 309, p. 111681, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2022.111681>.
- SUN, C.; WANG, L.; LIU, J.; ZHAO, G.; GAO, S.; XI, B.; DUAN, J.; WENG, X.; JIA, L. Genetic structure and biogeographic divergence among Sapindus species: An inter-simple sequence repeat-based study of germplasms in China. **Industrial Crops and Products**, v. 118, p. 1–10, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2018.03.029>.
- TNG, D. Y. P.; GOOSEM, M. W.; PAZ, C. P.; PREECE, N. D.; GOOSEM, S.; FENSHAM, R. J.; LAURANCE, S. G. W. Characteristics of the *Psidium cattleianum* invasion of secondary rainforests. **Austral Ecology**, v. 41, n. 4, p. 344–354, 2016. <https://doi.org/10.1111/AEC.12319>.

- TRIPATHI, K. *et al.* Agro-Morphological Characterization of Lentil Germplasm of Indian National Genebank and Development of a Core Set for Efficient Utilization in Lentil Improvement Programs. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 751429, 2022. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2021.751429/BIBTEX>.
- URQUÍA, D.; POZO, G.; GUTIERREZ, B.; ROWNTREE, J. K.; TORRES, M. de L. Understanding the genetic diversity of the guayabillo (*Psidium galapageium*), an endemic plant of the Galapagos Islands. **Global Ecology and Conservation**, v. 24, p. e01350, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2020.E01350>.
- UYEDA, J. C.; CAETANO, D. S.; PENNELL, M. W. Comparative Analysis of Principal Components Can be Misleading. **Systematic Biology**, v. 64, n. 4, p. 677–689, 2015. <https://doi.org/10.1093/SYSBIO/SYV019>.
- VAN ECK, N. J.; WALTMAN, L. Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. **Scientometrics**, v. 84, n. 2, p. 523–538, 2010. <https://doi.org/10.1007/S11192-009-0146-3/FIGURES/7>.
- VASCONCELOS, T. N. C. *et al.* Myrteae phylogeny, calibration, biogeography and diversification patterns: Increased understanding in the most species rich tribe of Myrtaceae. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 109, p. 113–137, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.YMPEV.2017.01.002>.
- VÁSQUEZ-GARCÍA, J.; SANTOS-PELAEZ, J. C.; MALQUI-RAMOS, R.; VIGO, C. N.; ALVARADO C., W.; BOBADILLA, L. G. Agromorphological characterization of cacao (*Theobroma cacao* L.) accessions from the germplasm bank of the National Institute of Agrarian Innovation, Peru. **Heliyon**, v. 8, n. 10, p. e10888, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2022.E10888>.
- VETÖ, N. M.; GUZMAN, F.; KULCHESKI, F. R.; SEGATTO, A. L. A.; LACERDA, M. E. G.; MARGIS, R.; TURCHETTO-ZOLET, A. C. Transcriptomics analysis of *Psidium cattleianum* Sabine (Myrtaceae) unveil potential genes involved in fruit pigmentation. **Genetics and Molecular Biology**, v. 43, n. 2, p. 1–11, 2020. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2019-0255>.
- VIEIRA, R. F.; CAMILLO, J.; CORADIN, L. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: Plantas para o Futuro: Região Centro-Oeste**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, Secretaria de Biodiversidade, 2016.
- VINHOLES, J.; LEMOS, G.; LIA BARBIERI, R.; FRANZON, R. C.; VIZZOTTO, M. In vitro assessment of the antihyperglycemic and antioxidant properties of araçá, butiá and pitanga. **Food Bioscience**, v. 19, p. 92–100, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2017.06.005>.
- ZANDONÁ, G. P.; BAGATINI, L.; WOLOSZYN, N.; DE SOUZA CARDOSO, J.; HOFFMANN, J. F.; MORONI, L. S.; STEFANELLO, F. M.; JUNGES, A.; ROMBALDI, C. V. Extraction and characterization of phytochemical compounds from araçazeiro (*Psidium cattleianum*) leaf: Putative antioxidant and antimicrobial properties. **Food Research International**, v. 137, p. 109573, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.109573>.

ZHANG, L.; LING, J.; LIN, M. Carbon neutrality: a comprehensive bibliometric analysis. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 30, n. 16, p. 45498–45514, 2023. <https://doi.org/10.1007/S11356-023-25797-W/TABLES/8>.

ZHANG, Y.; CAO, Y. fen; HUO, H. liang; XU, J. yu; TIAN, L. ming; DONG, X. guang; QI, D.; LIU, C. An assessment of the genetic diversity of pear (*Pyrus L.*) germplasm resources based on the fruit phenotypic traits. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 8, p. 2275–2290, 2022. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(21\)63885-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(21)63885-6).

ZHENG, Y. P. Global characteristics and trends of researches on watermelon: Based on bibliometric and visualized analysis. **Heliyon**, v. 10, n. 5, p. e26824, 2024. <https://doi.org/10.1016/J.HELIYON.2024.E26824>.

ZHU, X.; ZOU, R.; TANG, J.; DENG, L.; WEI, X. Genetic diversity variation during the natural regeneration of *Vatica guangxiensis*, an endangered tree species with extremely small populations. **Global Ecology and Conservation**, v. 42, p. e02400, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2023.E02400>.

ZOU, S. Y.; FENG, C.; GAO, P. X.; LI, T. J.; JIA, T. J.; HUANG, H. Germplasm resources and genetic improvement of Akebia: A new fruit crop in China. **Plant Diversity**, v. 45, n. 6, p. 712–721, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.PLD.2022.12.001>.

CAPÍTULO I

***Psidium cattleyanum* Sabine: Uma abordagem bibliométrica focada em suas propriedades bioativas e aplicações**

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. *Psidium cattleianum* Sabine: UMA ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA FOCADA EM SUAS PROPRIEDADES BIOATIVAS E APLICAÇÕES. 2025. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior

RESUMO

O Brasil possui uma das maiores biodiversidades do mundo, com fontes inexploradas de espécies nativas com altos teores de compostos bioativos. Dentre essas espécies, destaca-se a *Psidium cattleianum* Sabine. Considerando o potencial tecnológico da espécie e sua rica composição, este estudo tem como objetivo realizar uma revisão abrangente do cenário atual da *P. cattleianum*, utilizando uma abordagem metodológica mista (revisão bibliométrica e literatura). Foi realizada uma revisão da literatura associada a uma análise bibliométrica por meio da busca com os termos: ‘*Psidium cattleianum*’ and ‘*Psidium cattleianum*’, na base de dados Web of Science[®]. Em seguida, foram selecionados os trabalhos relevantes que passaram por uma análise utilizando o software VOSviewer. Verificou-se que o Brasil e suas instituições de pesquisa se destacam como os principais responsáveis pela produção de estudos relacionados ao tema. As pesquisas com a *P. cattleianum* têm ganhado destaque nas áreas de Ciências de plantas e tecnologia de alimentos e diversos estudos têm sido realizados com vistas à identificação e quantificação de compostos bioativos e nutricionais, constatando que espécie possui propriedades antioxidantes, anti-hipertensivas, antidiabéticas, entre outras. Portanto, é possível concluir que tanto a *P. cattleianum* em si, como seus subprodutos, possuem um considerável potencial para aplicação na indústria alimentícia e farmacêutica, além de apresentarem perspectivas promissoras no melhoramento genético. O estudo desses potenciais usos pode levar ao desenvolvimento de novos produtos e abordagens que beneficiem a sociedade e contribuam para avanços significativos no setor da saúde e da indústria alimentícia.

Palavras-chave: Araçá; compostos bioativos; estudo bibliométrico; redes de colaboração; Web of Science

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **GENETIC DIVERGENCE AND BIOACTIVE POTENTIAL OF *Psidium cattleianum* Sabine: A BIBLIOMETRIC, MORPHOLOGICAL, AND MOLECULAR APPROACH.** 2025. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisors: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior

ABSTRACT

Brazil possesses one of the greatest biodiversities in the world, harboring unexplored sources of native species with high levels of bioactive compounds. Among these species, *Psidium cattleianum* Sabine stands out due to its rich composition and technological potential. Given the significance of this species, the present study aims to conduct a comprehensive review of the current status of *P. cattleianum* through a mixed methodological approach combining bibliometric analysis and literature review. A literature review complemented by bibliometric analysis was carried out by searching the Web of Science[®] database using the terms "*Psidium cattleianum*" and "*Psidium cattleianum*." Subsequently, relevant papers were selected and analyzed using VOSviewer software. The analysis revealed that Brazil and its research institutions are the leading contributors to studies on this species. Research on *P. cattleianum* has gained prominence primarily in the fields of Plant Sciences and Food Technology. Several studies have focused on identifying and quantifying bioactive and nutritional compounds, confirming that the species exhibits antioxidant, antihypertensive, antidiabetic, and other beneficial properties. Consequently, it can be concluded that both *P. cattleianum* itself and its by-products have considerable potential for applications in the food and pharmaceutical industries, as well as promising prospects for genetic improvement. Exploring these potential uses may lead to the development of innovative products and approaches that benefit society and contribute significantly to advancements in health and the food industry.

Keywords: Araçá; bioactive compounds; bibliometric study; collaboration networks; Web of science

1. INTRODUÇÃO

A biodiversidade do ecossistema brasileiro abriga uma ampla diversidade de plantas, frutas e extratos, muito dos quais permanecem pouco explorados. Essa riqueza inexplorada possibilita uma oportunidade latente para a identificação de compostos com a capacidade de promover benefícios à saúde (INFANTE *et al.*, 2016). Enquanto algumas espécies nativas do gênero *Psidium*, como a goiaba (*Psidium guajava* L.), já são consumidas e têm um potencial de uso reconhecido, é importante destacar que diversas outras frutíferas nativas ainda não tem sido explorada e permanecem subutilizadas ou pouco conhecidas, como é o caso da *Psidium cattleianum* Sabine (BITTENCOURT *et al.*, 2019). Nesse sentido, a obtenção de informações provenientes de pesquisas com essas espécies pode viabilizar a exploração de novas aplicações industriais.

A *P. cattleianum* é uma fruta nativa do Brasil que pertence à família Myrtaceae. Seu fruto é popularmente conhecido como araçá, araçá-amarelo, araçá-vermelho, araçá-rosa (AMARAL *et al.*, 2021; MITRA *et al.*, 2012) e é consumido principalmente pelas populações locais "in natura" ou processadas para produção de sucos, geleias, doces e sorvetes (LAZAROTTO *et al.*, 2022; ZANDONÁ *et al.*, 2020). Para além de suas características sensoriais e do alto potencial produtivo, fornecendo cerca de 10 ton/ha (FRAZON *et al.*, 2009), a *P. cattleianum* apresenta uma composição rica em compostos bioativos, o que lhe confere elevado potencial antioxidante, propriedades antimicrobianas, antiproliferativo e antihiperglicêmicos (LIMA *et al.*, 2020; MEDINA *et al.*, 2011; VINHOLES *et al.*, 2017)

Os estudos sobre a *P. cattleianum* vêm aumentando ao longo dos anos, demonstrando o crescente interesse de pesquisadores na espécie (BARRADAS *et al.*, 2023; DACOREGGIO; MORONI; KEMPKA, 2019; SANGALLI *et al.*, 2018). Adicionalmente, algumas revisões sobre a *P. cattleianum* foram publicadas abordando a composição química e os efeitos biológicos do fruto (PEREIRA *et al.*, 2018), bem como extensão geral da invasão da espécie na África do Sul (MBOBO *et al.*, 2022). No entanto, um estudo mais aprofundado, que possa integrar de maneira abrangente o potencial bioativo dessa espécie, juntamente com estudos relevantes, além de identificar principais tendências e desenvolvimentos sobre a *P. cattleianum* se faz necessário.

A obtenção de dados mais abrangentes sobre a *P. cattleianum* pode ser realizada por meio de aplicação da abordagem bibliométrica. Essa metodologia é comumente empregada para investigar o impacto acadêmico de autores individuais, grupos de autores ou publicações, direcionados a um campo de estudo específico. Essa abordagem atua na

quantificação do impacto da pesquisa por meio de uma análise de desempenho e métricas de produtividade. Além de seu papel na avaliação, a bibliometria também fornece informações sobre o estado atual de uma área do conhecimento, oferecendo subsídios valiosos para a delimitação de futuras linhas de pesquisa (DONTHU *et al.*, 2021; NIELSEN *et al.*, 2023).

Dessa forma, esta revisão teve como foco explorar os principais estudos sobre a *P. cattleyanum*, adotando uma metodologia mista de análise bibliométrica e revisão de literatura, abordando os compostos bioativos, propriedades funcionais e as aplicações de valor agregado associadas à espécie.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Realizou-se uma revisão de literatura associada a uma análise bibliométrica utilizando a plataforma Web of Science® (WOS) (www.webofknowledge.com) com o objetivo de investigar a literatura global sobre a *P. cattleyanum*. Para isso, foi utilizado os termos 'Psidium cattleianum' and 'Psidium cattleyanum' no campo "tópico", que abrange título, resumo, palavras-chave e palavras-chave adicionais dos artigos indexados na plataforma da Web of Science.

A busca foi conduzida considerando os últimos dez anos (2013-2023) e resultou em 174 documentos. A partir desses dados, foram obtidos o número total de publicações, as categorias da Web of Science (WOS), os 10 artigos mais citados, os 10 autores com maior produção científica, as 10 organizações e os países mais produtivos, além das palavras-chave mais frequentes.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Publicações e artigos mais citados

A análise bibliométrica é um método objetivo de avaliar artigos científicos publicados, permitindo acompanhar o desenvolvimento de novos campos científicos e determinar a influência de uma publicação, bem como seu desenvolvimento ao longo dos anos (ROMANELLI *et al.*, 2021; ROYLE *et al.*, 2013). Na figura 1 é possível observar variações no número de publicações em diferentes áreas de pesquisa, segundo as categorias WOS ao longo de um período de 10 anos.

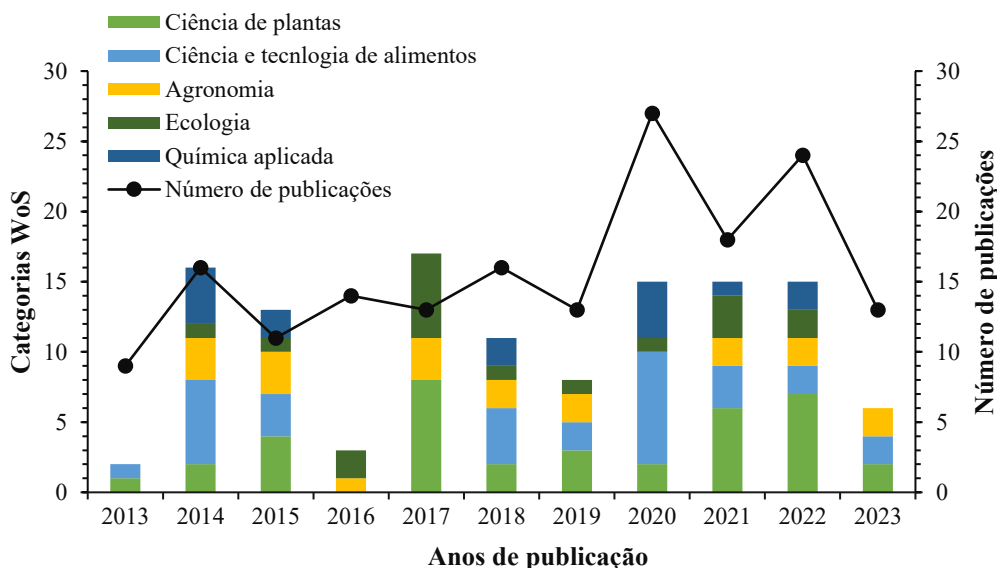


Figura 1. Número de publicações por ano e categorias WoS relacionados a *P. cattleyanum*

O número de publicações apresentou oscilações ao longo dos 10 anos, com notável aumento em períodos específicos, tais como 2014, 201 e 2018 nos quais foram registrados, respectivamente, 16, 14 e 16 documentos publicados. Essas oscilações podem estar relacionadas a possíveis descobertas ao potencial de aplicação na indústria alimentícia (EGEA *et al.*, 2014; SANDRI *et al.*, 2014); informações sobre a ecologia, caracterização fenológica e propagação da espécie (BARBOSA *et al.*, 2016; BREMENKAMP; MARINHO; CAMPOS, 2016; RODRIGUEZ; PRADELLA; SOUZA; *et al.*, 2016); além da eficácia do extrato da *P. cattleyanum* no manejo terapêutico das doenças relacionadas em diferentes áreas da saúde, tornando-se uma opção promissora para uso clínico (CARDOSO *et al.*, 2017; SABER *et al.*, 2018; SANGALLI *et al.*, 2018).

Oscilações também foram observadas nos períodos de 2020 a 2022, entretanto, em 2020, houve uma maior concentração de artigos publicados (27), o que sugere um contínuo interesse na pesquisa sobre essa espécie. Essa tendência contribui para uma ampliação do conhecimento acerca de suas propriedades nutricionais, medicinais ou outras aplicações potenciais, bem como para melhoramento de técnicas de cultivo e manejo.

Considerando as publicações do ano mais recente (2023), além de documentos na área Ciência e Tecnologia de Alimentos, abordando a composição química e a atividades antioxidante (MORAES *et al.* 2023), também há interesse em estudos relacionados a Ciências de Plantas, principalmente com foco na análise genômica (CANAL *et al.*, 2023; SILVA *et al.*, 2023) e no melhoramento e seleção de espécie silvestres, genótipos e

progênies híbridas interespecíficas, resistentes ao *Fusarium oxysporum* f. sp. *psidii* e *Meloidogyne incógnita* para uso potencial como porta-enxerto ou variedade descendente (VISHWAKARMA *et al.* 2023).

Segundo a classificação da WoS, foram registradas 174 publicações distribuídas em 51 categorias, ao longo de 10 anos. Entretanto, neste estudo, foram selecionadas as cinco categorias mais relevantes, em função do elevado número de categorias em que as publicações estão distribuídas. Observou-se que a espécie *P. cattleyanum* é amplamente pesquisada em diversas áreas de conhecimento, evidenciando sua importância, versatilidade, e potencial aplicação da espécie.

Entre as categorias mais relevantes, destacam-se aquelas relacionadas a Ciências de Plantas (37 documentos). Os documentos exploram a diversidade e a ecologia das plantas, investigando aspectos como morfologia do pólen e germinação de sementes (CARDOSO *et al.*, 2017; SOUZA-PÉREZ *et al.*, 2021; TULER *et al.*, 2017), processos fisiológicos e mecanismos genéticos que influenciam o crescimento e desenvolvimento da espécie (FREITAS *et al.* 2014; LATTUADA *et al.* 2019; AVELINO *et al.* 2021).

A categoria Tecnologia de Ciência de Alimentos também apresentou um elevado número de documentos (31) publicados. Os estudos concentraram-se, principalmente, em questões relacionadas à composição química, atividade antioxidante e compostos bioativos. Nos últimos anos, a composição bioativa da *P. cattleyanum* tem sido objeto de estudo e chamado a atenção dos pesquisadores da área. Além disso, diversos documentos abordam as atividades analgésicas (ZANDONÁ *et al.*, 2020), compostos aromáticos, características sensoriais (EGEA *et al.* 2014) e extração de óleos essenciais (MEDEIROS *et al.* 2015). As outras quatro três categorias possuem aplicações práticas em áreas como agricultura, ecologia e química aplicada, e publicaram entre 15 e 20 artigos sobre a espécie.

A análise de pesquisas frequentemente citadas é essencial tanto para acadêmicos quanto para editores de periódicos, uma vez que contribui para a avaliação da relevância e importância do campo de estudo em questão (DIN *et al.* 2023). A tabela 1 apresenta os 10 artigos mais citados sobre a *P. cattleyanum* nos últimos dez anos. Pode-se observar uma tendência em que uma parcela significativa desses artigos foi publicada entre os anos de 2014 e 2018, sugerindo que há uma associação entre a idade dos artigos e o número de citações ao longo do tempo desde a sua indexação (JIMÉNEZ-CASTRO *et al.* 2020).

Tabela 1. Os 10 artigos mais citados no período de 20013 a 2023 sobre a *P. cattleyanum* com base na Web of Science©

Classificação	Título	Revista	NC	IF	Referências
1º	Phenolic Compounds and Carotenoids from Four Fruits Native from the Brazilian Atlantic Forest	Journal of Agricultural and Food Chemistry	127	5.89	(SILVA et al. 2014)
2º	Antioxidant capacity and bioactive compounds of four Brazilian native fruits	Journal of Food and Drug Analysis	125	6.15	(DENARDIN et al. 2015)
3º	Natural Antimicrobials and Oral Microorganisms: A Systematic Review on Herbal Interventions for the Eradication of Multispecies Oral Biofilms	Frontiers in Microbiology	67	6.06	(KARYGIANNI et al. 2016)
4º	<i>Psidium cattleianum</i> fruit extracts are efficient in vitro scavengers of physiologically relevant reactive oxygen and nitrogen species	Food Chemistry	52	8.80	(RIBEIRO et al., 2014)
5º	Antimicrobial and antioxidant activity of essential oil and different plant extracts of <i>Psidium cattleianum</i> Sabine	Brazilian Journal of Biology	42	1.65	(SCUR et al. 2016)
6	Conventional and ultrasound-assisted methods for extraction of bioactive compounds from red araçá peel (<i>Psidium cattleianum</i> Sabine)	Arabian Journal of Chemistry	38	6.21	(MEREGALLI et al. 2020)
7º	Effects of medicinal herb and Brazilian traditional plant extracts on in vitro mycotoxin decontamination	Food Control	36	6.65	(PONZILACQUA et al. 2019)
8º	Invasive alien plants progress to dominate protected and best-preserved wet forests of an oceanic island	Journal for Nature Conservation	35	2.57	(FLORENS et al. 2016)
9º	Antioxidant, antihyperglycemic, and antidyslipidemic effects of Brazilian-native fruit extracts in an animal model of insulin resistance	Redox report	33	5.69	(CARDOSO et al., 2017)
10º	Berries grown in Brazil: anthocyanin profiles and biological properties	Journal of the Science of Food and Agriculture	31	4.12	(CHAVES et al., 2018)

NC = Número de citações; IF = Fator de impacto da revista

O artigo mais citado dos últimos 10 anos, intitulado de ‘Phenolic Compounds and Carotenoids from Four Fruits Native from the Brazilian Atlantic Forest’ foi produzido por Silva *et al* (2014), publicado na revista *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (IF= 5.89) e citado 127 vezes. Essa pesquisa tem recebido muitas citações porque que aborda composição de carotenóides e compostos fenólicos de quatro frutas (*Euterpe edulis* Mart.; *Eugenia brasiliensis* Lam; *Psidium cattleianum* Sabine; *Eugenia pyriformis* Cambess) encontradas na Mata Atlântica. Além disso, o estudo indica que ácido gálico foi o composto fenólico majoritário na *P. cattleianum* (12,2 mg GAE/100 g fm); e a all- *trans* - β -criptoxantina foi o principal caratenóide encontrado na espécie.

Estudos *in vivo*, *in vitro* e epidemiológicos indicam que a β -criptoxantina possui diversos benefícios à saúde, como a redução do risco de certos tipos de câncer, propriedades antioxidantes, efeitos antiobesidade, ação anti-inflamatória e propriedades antiateroscleróticas (LLOPIS *et al.* 2019). A pesquisa fornece descobertas sobre os benefícios nutricionais e antioxidantes desses compostos naturais, contribuindo para o conhecimento técnico-científico na área de Ciência e Tecnologia de Alimentos.

Denardin *et al.* (2015) publicaram o segundo artigo mais citado, intitulado de ‘Antioxidant capacity and bioactive compounds of four Brazilian native fruits’. O trabalho foi publicado no *Journal of Food and Drug Analysis* (IF= 6.15) e recebeu um total de 125 citações. Os autores revelaram que algumas frutas cultivadas no sul do Brasil, como a *P. cattleianum*, são ricas em compostos fenólicos e apresentam elevada atividade antioxidante. Esses compostos bioativos, juntamente com o alto teor de carotenoides, como o β -caroteno, conferem propriedades antioxidantes importantes para a espécie.

O terceiro artigo mais citado, intitulado de ‘Natural Antimicrobials and Oral Microorganisms: A Systematic Review on Herbal Interventions for the Eradication of Multispecies Oral Biofilms’ foi escrito por Karygianni *et al.* (2016) e publicado na *Frontiers in Microbiology* (IF= 6.06), recebeu 67 citações. Os autores reuniram vários estudos realizados com os efeitos de espécies vegetais contra biofilmes orais multiespécies formados *in vitro*, *ex vivo* e *in situ*, para demonstrar que os extratos vegetais de ervas medicinais, incluindo a *P. cattleianum*, apresentam atividade antimicrobiana contra biofilmes orais multiespécies. Esses extratos têm o potencial de serem utilizados no controle das doenças dentárias, como cárie e periodontite, ao substituir ou integrar os tratamentos convencionais.

‘*Psidium cattleianum* fruit extracts are efficient in vitro scavengers of physiologically relevant reactive oxygen and nitrogen species’, é um artigo citado 52 vezes, disponível na *Food Chemistry*. A importância deste artigo pode ser explicada pela sua contribuição para o conhecimento científico sobre a capacidade dos extratos da *P. cattleianum* em eliminar espécies reativas de oxigênio e nitrogênio. Essas espécies reativas desempenham um papel importante nos processos oxidativos e inflamatórios do organismo, estando associadas ao desenvolvimento de diversas doenças, como câncer, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas (RIBEIRO *et al.* 2014).

Em 2020, o artigo mais citado sobre a *P. cattleianum* (38 citações) foi intitulado de ‘Conventional and ultrasound-assisted methods for extraction of bioactive compounds from red arazá peel (*Psidium cattleianum* Sabine)’ e escrito por Meregalli *et al.* (2020). Este artigo comparou a extração de compostos bioativos da casca do *P. cattleianum* pelos métodos de maceração (convencional) e assistida por ultrassom. O artigo foi publicado na *Arabian Journal of Chemistry*, e os resultados mostram que a extração por ultrassom demonstrou ser mais eficiente do que a maceração convencional, resultando em um maior rendimento e tempo de extração reduzido. Isso confirma a presença de compostos bioativos na *P. cattleianum*, principalmente na casca, que possuem benefícios na prevenção da geração de radicais livres e no combate ao estresse oxidativo.

Os estudos mais citados anteriores revelaram abordagens divergentes em relação ao potencial de aplicação da *P. cattleianum* em diferentes áreas de pesquisa, o que evidencia sua notável versatilidade. Esses estudos exploraram uma ampla gama de campos científicos, como biologia, agronomia, farmacologia, tecnologia de alimentos e medicina, entre outros. As pesquisas investigaram propriedades bioativas, compostos químicos, atividade antioxidante, atividade antimicrobiana, efeitos terapêuticos, aplicação na indústria alimentícia e uso como planta medicinal. Essa diversidade de abordagens demonstra o amplo espectro de aplicações potenciais da espécie e ressalta sua relevância nas diversas áreas de pesquisa científica.

3.2 Análise de autores, organizações e países

Os pesquisadores e organizações que se destacam pela sua produtividade na publicação de artigos e recebimento de citações relacionadas a *P. cattleianum* são apresentados na tabela 2.

Tabela 2. Autores e organizações mais produtivos sobre a *Psidium cattleyanum* Sabine nos últimos 10 anos

Classificação	Nome	NP	NC
<i>Autores</i>			
1º	Vizzoto, M.	11	229
2º	Stefanello, F. M.	5	60
3º	Marinho, C. S.	5	24
4º	Lencina, C. L.	4	47
5º	Oliveira, P. S.	4	47
6º	Spanevello, R. M.	4	47
7º	Tuler, A. C.	4	22
8º	Campos, G. S.	4	21
9º	Forni-Martins, E. R.	4	16
10º	Bona, N. P.	3	47
<i>Organizações</i>			
1º	Universidade Federal de Pelotas	14	124
2º	Embrapa Clima Temperado	11	63
3º	Universidade Federal de Santa Maria	10	190
4º	Universidade Federal do Rio Grande do Sul	10	209
5º	Universidade Federal de Santa Catarina	8	65
6º	University of Hawai‘i at Mānoa	9	74
7º	Universidade Federal do Espírito Santo	7	37
8º	US Forest Service	6	59
9º	Universidade Estadual de Campinas	5	24
10º	Universidade Federal do Paraná	2	19

NP = Número de publicações; NC = Número de citações

As pesquisadoras Dra. Marcia Vizzoto (Vizzoto, M.), da Embrapa Clima Temperado e a Dra. Francieli Moro Stefanello (Stefanello, F. M.), Universidade Federal de Pelotas são reconhecidas como as autoras mais produtivas na área de estudos sobre a *P. cattleyanum*, ocupando o primeiro e o segundo lugar no ranking, respectivamente. Isso se deve ao expressivo número de artigos científicos que ambas têm publicado sobre a espécie. Nos últimos 10 anos, a Dra. Vizzoto contribuiu com um total de 11 trabalhos,

enquanto a Dra. Stefanello publicou cinco trabalhos, sendo que em quatro desses ambas as pesquisadoras colaboraram em parceria.

Suas pesquisas têm se concentrado principalmente na investigação da composição química da espécie (PEREIRA, RAPHAELLI *et al.*, 2021), capacidade antioxidante e compostos bioativos (DENARDIN *et al.*, 2015; VINHOLES *et al.*, 2018), potencial anti-hiperglicêmicos e antidislipidêmicos de extratos da fruta (CARDOSO *et al.*, 2017). Além disso, também há pesquisas relacionadas a inibição de enzimas específicas, como alfa-amilase, alfa-glucosidase e lipase pancreática (PEREIRA, VINHOLES *et al.*, 2021). As pesquisadoras estão vinculadas a instituições brasileiras que se destacam pela alta produção de artigos científicos, o que contribui para posicionar suas respectivas instituições em evidência, com uma quantidade significativa de publicações sobre a *P. cattleyanum* em nível global.

A Dra. Cláudia Sales Marinho (Marinho, C. S.) ocupa a terceira posição do ranking, tendo publicado 5 artigos. Suas pesquisas contribuem principalmente para o campo da silvicultura, com foco na avaliação da viabilidade da técnica de miniestaquia (BIAZATTI *et al.*, 2018) e na resistência de genótipos de araçazeiros a infestação *Meloidogyne enterolobii* (ROBAINA *et al.*, 2015; BIAZATTI *et al.*, 2016). Essas pesquisas são de extrema relevância para o avanço do conhecimento científico no campo da silvicultura, proporcionando informações importantes para o desenvolvimento de estratégias de manejo e cultivo da espécie.

A Universidade Federal de Pelotas é reconhecida como a instituição mais produtiva a nível global em estudos com a *P. cattleyanum*. Suas principais pesquisas estão ligadas as propriedades bioativas da espécie (CARDOSO *et al.*, 2017; CASTRO *et al.*, 2015; OLIVEIRA *et al.*, 2018). Essa instituição se destaca pelo seu número de artigos publicados, totalizando 14 publicações, e pela relevância deles, com um total de 124 citações recebidas. Cabe ressaltar que a principal colaboradora da instituição é a Dra. Stefanello, a 2º pesquisadora mais produtiva nos estudos relacionados à *P. cattleyanum*.

Uma observação relevante é a presença da US Forest Service no ranking, tendo contribuído com a publicação de 6 artigos relacionados à *P. cattleyanum*. A US Forest Service é uma agência governamental dos EUA que gerencia e conserva as florestas nacionais, visando a sustentabilidade dos recursos naturais e promovendo o uso responsável dessas áreas. Os principais artigos desenvolvidos por essa organização exploram de maneira abrangente o impacto da invasão *P. cattleyanum* nos ecossistemas florestais do Havaí. Essas pesquisas fornecem informações sobre como a presença de

plantas exóticas invasoras afetam diretamente o acúmulo de carbono (HUGHES *et al.*, 2022) e a composição da serapilheira (ROBERTS *et al.*, 2016), além de apresentar técnicas específicas de detecção e mapeamento dessa espécie (BARBOSA *et al.*, 2016; BARBOSA *et al.*, 2017).

A colaboração internacional de pesquisa entre os países mais produtivos, em termos de publicações sobre a *P. cattleyanum*, foi avaliada por meio da análise de coautorias utilizando o software VOSviewer, conforme observado na figura 2.

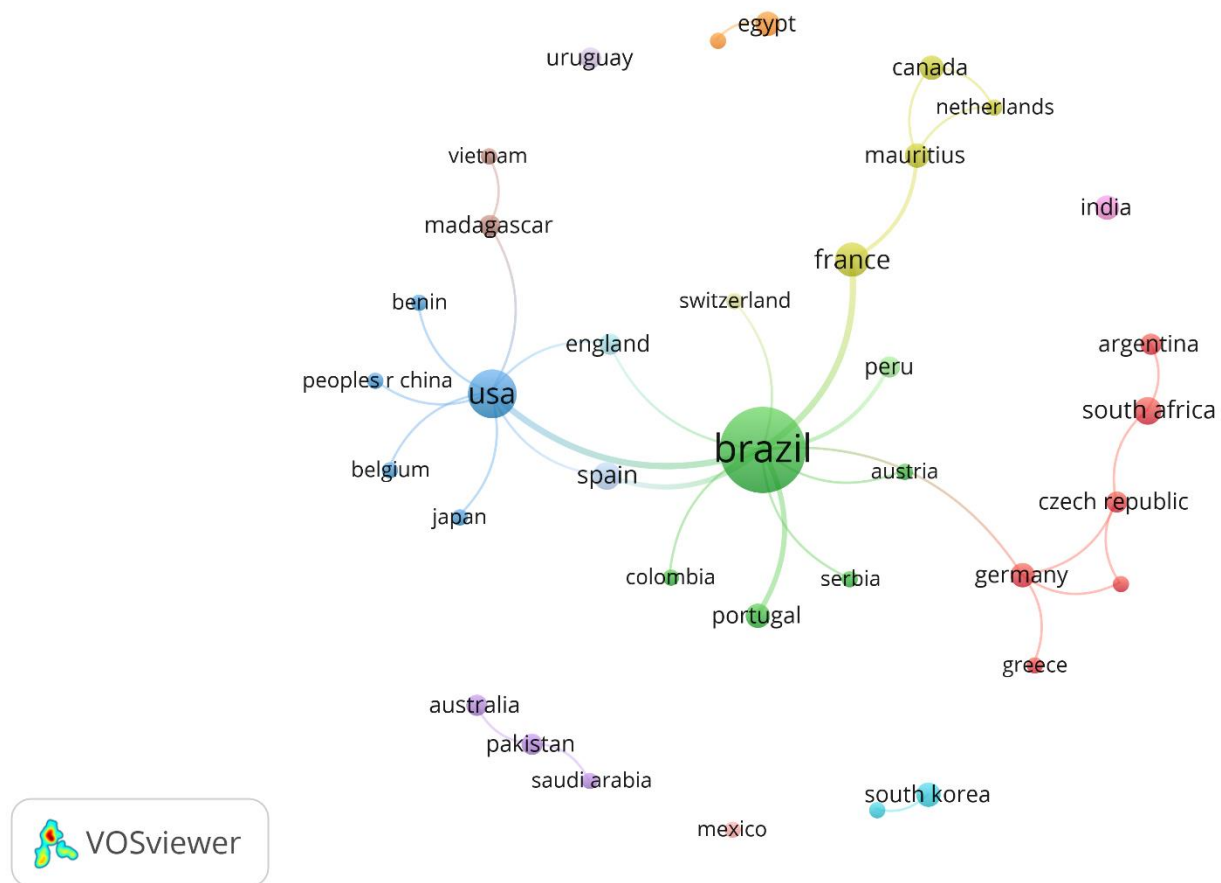


Figura 2. Colaborações entre os países mais produtivos em pesquisa sobre a *Psidium cattleianum* Sabine, baseada em coautoria, visualizada por meio do software VOSviewer.

Fonte: Autor, 2024

O Brasil se destaca com o maior número de documentos, totalizando 114 publicações (67,46%), o que o coloca como o país mais produtivo nessa área. Além disso, é importante ressaltar que oito dos 10 artigos mais citados (tabela 1) são de autoria de pesquisadores brasileiros. Essa evidência demonstra o reconhecimento da qualidade e relevância das pesquisas realizadas no país. Um dos fatores que contribuem para isso é o fato de se tratar de uma espécie nativa, o que reforça a importância dos estudos conduzidos por pesquisadores locais.

Os Estados Unidos (EUA) e a França vêm em seguida, com 21 e 8 documentos publicados, respectivamente. A colaboração internacional entre esses países é importante para promover a visibilidade e o reconhecimento mútuo das pesquisas realizadas com a espécie em estudo, resultando em um maior número de publicações e citações. Esses três países, juntamente com a maioria dos que estudam a *P. cattleyanum*, estabelecem parcerias com o Brasil (Figura 2).

3.3 Análises de tendências de palavras-chave

Uma abordagem baseada na análise de palavras-chave foi empregada como estratégia para obter uma visão ampla das tendências associadas à espécie *P. cattleyanum*. Foram utilizadas palavras-chave de autor (AKs) e, neste estudo, foram analisadas exclusivamente as AKs mais frequentemente citadas, visando identificar as tendências mais relevantes destacadas pelos autores.

A seleção das palavras-chave mais citadas pelos autores possui uma importância fundamental na identificação do conteúdo principal da pesquisa em uma publicação, uma vez que são escolhidas com o propósito de representar a ênfase central do trabalho de pesquisa (ZHONG *et al.*, 2016; COSTA, CALDEIRA 2018). Além disso, essas palavras-chave são relevantes na compreensão das áreas de foco de um determinado assunto em uma região específica ou ao longo de um período determinado (WEI *et al.*, 2015).

Durante o período de 2013 a 2023, foram identificadas 706 palavras-chave distintas nos artigos examinados. No entanto, nesta revisão, nos concentramos exclusivamente nas 46 palavras-chave mais comuns, considerando apenas aquelas que apareceram pelo menos três vezes. A Figura 3 ilustra o mapa de tendências de palavras-chave dos autores, no qual o tamanho dos nós representa a frequência de uso das palavras, enquanto a espessura e a cor das linhas indicam os agrupamentos aos quais os itens pertencem.

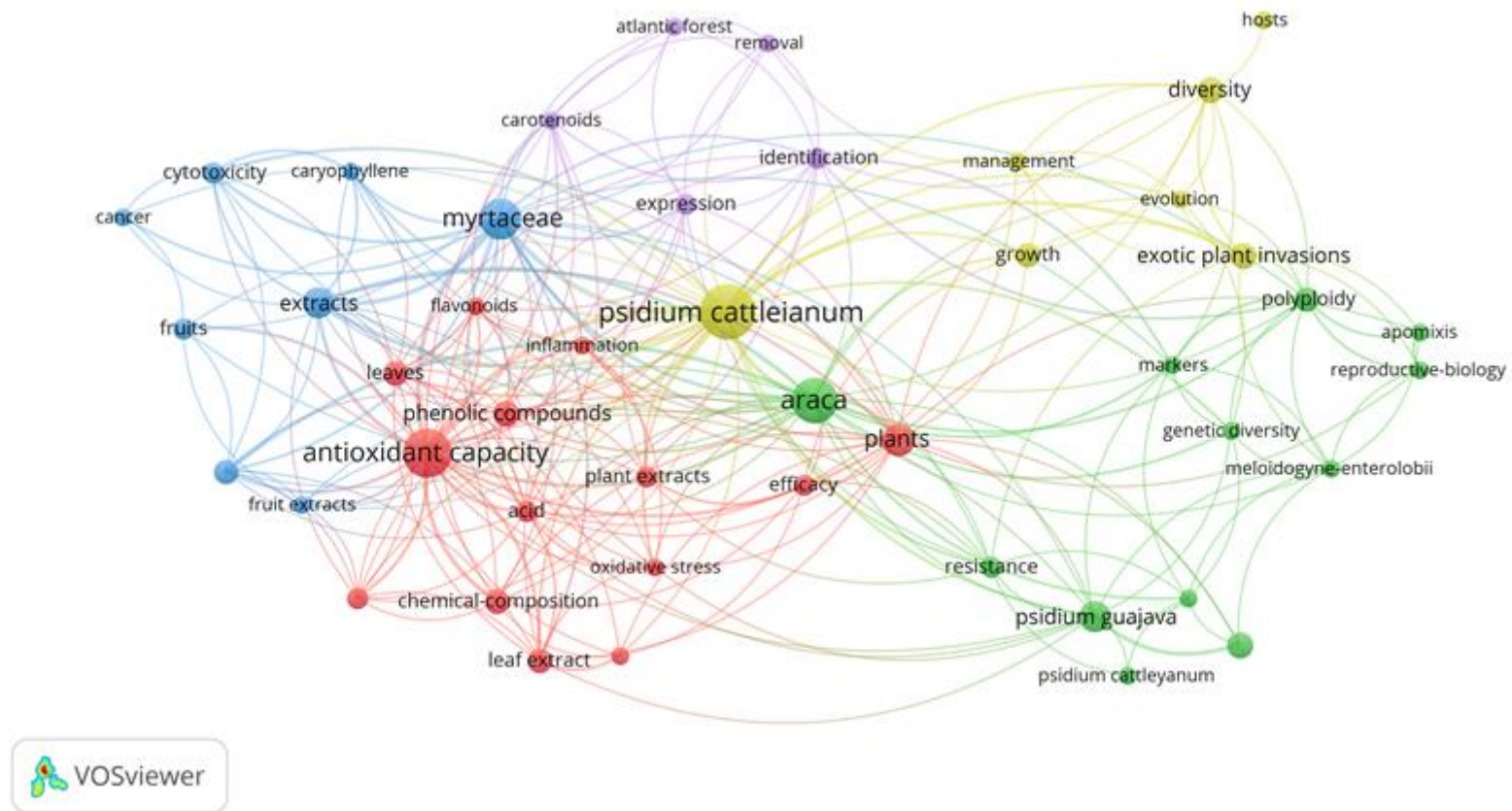


Figura 3. Tendências de pesquisa sobre a *Psidium cattleianum* Sabine usando palavras-chave do autor, geradas com o software VOSviewer.

Fonte: Autor, 2024

Os termos 'psidium cattleianum', 'antioxidant capacity' e 'araca' foram os mais citados pelos autores, com mais de 18 ocorrências cada. A alta frequência de citação desses termos sugere que a capacidade antioxidante da espécie *P. cattleyanum* é um tema de grande interesse e relevância nos artigos analisados, como já visto anteriormente.

Com base nas combinações de palavras-chave presentes nos clusters, é possível inferir tendências de pesquisa relevantes, tais como: a compreensão das propriedades antioxidantes, anti-inflamatórias e medicinais da *P. cattleyanum*, explorando sua composição química, incluindo flavonoides e componentes fenólicos, bem como seu óleo essencial e extratos de plantas em diferentes aplicações (cluster vermelho); componentes bioativos presentes nos extratos de frutos da família Myrtaceae, especialmente em relação à sua atividade anticancerígena, citotoxicidade e propriedades medicinais (cluster azul); e pesquisas na Floresta Atlântica que abrangem análise da expressão gênica, identificação de espécies e controle de invasoras (cluster roxo).

No cluster verde, as tendências de pesquisa refletem o interesse em compreender a diversidade genética, explorar mecanismos reprodutivos como a apomixia, utilizar marcadores genéticos para avaliar a diversidade e investigar os efeitos da poliploidia na espécie. Esses estudos têm implicações importantes no melhoramento genético de plantas, conservação da diversidade e desenvolvimento de variedades mais tolerantes e adaptadas.

Por fim, no cluster amarelo, há o interesse em compreender e gerenciar a espécie como planta exótica invasora, investigar sua evolução e interações, além de explorar estratégias de controle e manejo para limitar seu crescimento e mitigar seus impactos na diversidade de ecossistemas. A *P. cattleyanum* pode ser considerada como uma espécie exótica invasora em determinados ecossistemas, conforme mencionado por Florens *et al.* (2016). Além disso, é importante ressaltar que a espécie está incluída na lista das 100 piores espécies invasoras globalmente, de acordo com a IUCN Invasive Specialists Group (PROENÇA *et al.*, 2022). Essa classificação destaca a necessidade de realizar estudos e implementar medidas efetivas para mitigar os efeitos negativos ocasionados por essa espécie invasora, nesses ecossistemas.

A abordagem científica fundamentada na análise de clusters e na análise bibliométrica, proporcionou uma base sólida para a definição dos temas de pesquisas relevantes em relação a *P. cattleyanum* até o momento, permitindo direcionar futuras pesquisas, promover o avanço do conhecimento e contribuir para a tomada de decisões embasadas em evidências científicas.

3.4 Compostos fitoquímicos presentes na *P. cattleyanum*

A *P. cattleyanum* apresenta um perfil fitoquímico abundante em compostos bioativos, que se encontram distribuídos em diversas partes da planta, incluindo folhas, cascas e frutos. Entre esses compostos, destacam-se os ácidos fenólicos e flavonoides, bem como os carotenoides e o ácido ascórbico (PEREIRA *et al.*, 2018; PEREIRA *et al.*, 2020; BARRADAS *et al.*, 2023; MORAES *et al.*, 2023).

Altos teores de compostos fenólicos totais (TPC) ($603,1 \pm 18,9$ mg equivalentes de ácido clorogênico/100 g de massa fresca) foram encontrados na *P. cattleyanum* (Vinholes *et al.* 2017). Bieglmeyer *et al.* (2011) verificaram teores de TPC de 292,03 mg de GAE/100 g e flavonoides 35,12 mg de QE/100 g no fruto da *P. cattleyanum*. Também estudando o fruto da *P. cattleyanum* Denardin *et al.* (2015) relataram altos níveis de TPC (660.19 ± 47.6 mg GAE/100 g) e carotenóides totais ($6,27 \pm 0,06$ ug β -caroteno/g) e a presença de ácido ascórbico em baixas quantidades ($0,095 \pm 0,01$ mg/100 g).

As folhas da *P. cattleyanum* também são fontes promissoras de compostos bioativos. Elevados níveis compostos pertencentes às classes dos ácidos fenólicos, flavonoides, taninos, lipídios fenólicos e carboidratos foram identificados na espécie (ZANDONÁ *et al.*, 2020). Os extratos aquosos das folhas da *P. cattleyanum* demonstraram um elevado TPC variando de $101 \pm 0,2$ a $144 \pm 0,5$ mg de EGA g⁻¹ (DACOREGGIO *et al.*, 2019).

Além das folhas, a casca da *P. cattleyanum* também tem sido objeto de estudos para avaliar sua composição bioativa. Meregalli *et al.* (2020) analisaram a composição bioativa da casca e obtiveram níveis abundantes de compostos fenólicos (477,53 Eq. mg de ácido gálico/100 g), flavanoides (351,80 mg de catequina/100 g) e caratenoides (4,45 μ g de β -caroteno/mL). Mais detalhes sobre os fitoquímicos presentes na *P. cattleyanum* está apresentada na tabela 3.

Tabela 3. Compostos fitoquímicos encontrados na *Psidium cattleianum* Sabine

Fitoquímico	Parte da planta	Obtenção do extrato	Principais descobertas	Referência
Compostos fenólicos	Polpa-casca	Amostras liofilizadas de frutos (250 mg) foram misturadas com metanol (1:40, p/v) e agitadas (Vortex, Phoenix AP56) por 5 min	Catequina (2,07 µg/g), kaempferol (4,69 µg/g), miricetina (0,93 µg/g), quercetina (19,4 µg/g), ácido elágico (19,1 µg/g)	(PEREIRA <i>et al.</i> , 2020)
	Folhas	Folhas secas e moídas foram extraídas por infusão aquosa (IA) na proporção de 1:50 (m/v), a 80 °C por 10 min	Ácido gálico (1,20 µg/g ⁻¹), ácido 4-hidroxibenzóico (0,90 µg/g ⁻¹), ácido clorogênico (0,09 µg/g ⁻¹), ácido vanílico (28,20 µg/g ⁻¹), ácido elágico (0,16 µg/g ⁻¹)	(ZANDONÁ <i>et al.</i> , 2020)
	Fruto	O extrato foi preparado com a amostra de frutos liofilizada (0,50 g) usando 5 mL de uma mistura metanol:água	Gallic acid (7,4 µg/g ⁻¹), vescalagin (42,9 µg/g ⁻¹), castalagin (43,8 µg/g ⁻¹), proanthocyanidin dimer B I (132,3 µg/g ⁻¹), Taxifolin hexoside (109,2 µg/g ⁻¹), ellagic acid (12,9 µg/g ⁻¹)	(MALLMANN <i>et al.</i> , 2020)

		(8:2, v/v, acidificada com ácido fórmico 0,35%) e vórtex (USC-1400-Unique) por 3 min.	
Fruto	5 g de fruta fresca foram homogeneizados com etanol 98% (1:4, p/v) durante 5 min usando um homogeneizador Ultra-Turrax. As amostras foram reconstituídas em 20 ml de etanol/água (3:1, v/v)	Ácido clorogênico (606 mg/100 g)	(VINHOLES <i>et al.</i> , 2017)
Carotenoides	Polpa	Os carotenóides foram extraídos com acetona a partir de 15 g de polpa da fruta e transferidos	All- trans -luteína(10,0 µg/100g), all- trans -β-caroteno (20,0 µg/100g), all- trans -β-criptoxantina (26,4 µg/100g), 5,8-Epóxi-β-criptoxantina (5,8 µg/100g) (SILVA <i>et al.</i> , 2014)

		para éter de petróleo/éter dietílico (2:1)	
	Casca	10 g da casca foi pesada e adicionado etanol absoluto na proporção massa:solvente de 1:10 (p/v) e a extração foi realizada sob agitação magnética, por 4 h, em temperatura ambiente (25 °C)	All- trans -luteína (10,0 µg/g), all- trans -antheraxantina (9,0 µg/g), all- trans -β-caroteno (5,9 µg/g) (RIBEIRO <i>et al.</i> , 2014)
Compostos voláteis	Polpa	A extração foi realizada utilizando um sistema de captura em fase sólida	A análise GC–MS identificou 23 compostos, na qual os aldeídos compreendiam as principais classes de voláteis (84%) - (Z)-3-hexenal (EGEA <i>et al.</i> , 2014)

3.5 Carotenóides

Os carotenóides são um grupo de pigmentos naturais derivados de isoprenóides, produzidos em plantas, e responsáveis por conferir uma ampla gama de cores, como amarelo, vermelho e laranja, principalmente às folhas, frutas e vegetais. Esses compostos desempenham um papel essencial em vários processos fisiológicos, destacando-se como componentes essenciais dos sistemas fotossintéticos das plantas e desempenhando um papel fundamental na nutrição humana. Além disso, atuam como antioxidantes biológicos, o que contribui para a redução significativa de doenças associadas ao estresse oxidativo (CAZZONELLI 2011; SHIVANI *et al.*, 2017; AMAH *et al.*, 2018).

Os *Psidium* spp. são considerados fontes moderadas de carotenoides (100-500 µg/100 g) (BRITTON, KHACHICK 2009). Em relação à extração de compostos bioativos da casca de *P. cattleianum*, por meio dos métodos de maceração (convencional) e assistida por ultrassom, foi observado um teor médio de carotenoides variando de 4,45 a 4,47 µg de β-caroteno/mL de extrato (MEREGALLI *et al.*, 2020).

Outro estudo realizado por Silva *et al.* (2014) identificou os principais compostos carotenoides presentes na *P. cattleianum*, sendo all-trans-β-criptoxantina (26,4 µg ± 1,9 µg/100 g fw), all-trans-β-caroteno (20,0 µg ± 4,6 µg/100 g fw) e all-trans-luteína (15,7 µg ± 3,8 µg/100 g fw). A all-trans-luteína, all-trans-anteraxantina e all-trans-β-caroteno também foram encontrados nos extratos da *P. cattleianum* estudados por Ribeiro *et al.* (2014). Os autores também constataram que os teores de carotenoides totais na casca foram aproximadamente 3 vezes maiores (42 µg/g) em relação aos extratos de polpa (12 µg/g).

3.6 Composto volátil

A composição volátil da *P. cattleianum* tem sido relatada por diferentes autores. Em um estudo de Soliman *et al.* (2016), 31 compostos foram identificados no óleo volátil das folhas de *P. cattleianum*. O β-cariofileno foi o principal hidrocarboneto sesquiterpênico identificado (28,83%), seguido do α-Pineno (28,0%) e β-mirceno (13,40%). Além do β-cariofileno (22,5%), o α-Seliene (10,1%) e α-humuleno (7,5%) e foram os constituintes majoritários encontrados na *P. cattleianum* estudada por Bieglmeyer *et al.* (2011). A maior classe de compostos voláteis identificados na avaliação óleo essencial da *P. cattleianum* foram os hidrocarbonetos terpênicos, sendo

eles: α -copaeno (22%), eucaliptol (15%), δ -cadineno (9,63%) e α -selineno (6,5%) (Scur et al. 2016).

Bombardelli et al. (2021) estudaram a *P. cattleyanum* e identificaram que os monoterpenos mais voláteis (α -pineno, β -pineno, α -Terpineno, γ -terpineno e eucaliptol) foram detectados exclusivamente na fração do óleo essencial, enquanto os sesquiterpenos (cariofileno, selina-3,7(11)-dieno, e-nerolidol α -cadinol, eudesm-7(11)-en-4-ol, guaia-3,9-dieno e β -selineno) foram encontrados em abundância tanto no óleo essencial quanto nos extratos do fruto.

3.7 Propriedades bioativas e funcionais da *P. cattleyanum*

A *P. cattleyanum* possui uma grande quantidade de fitoquímicos que são responsáveis pelas suas propriedades bioativas. Os compostos bioativos têm se mostrado de grande importância no combate e prevenção de diversas doenças, o que tem despertado um crescente interesse nos últimos anos devido aos inúmeros benefícios que oferecem à saúde humana (MUÑOZ et al., 2020). Essas características têm sido objeto de estudos para aplicações na indústria farmacêutica e medicinal, conforme relatado na literatura, e são detalhadas na Figura 4.

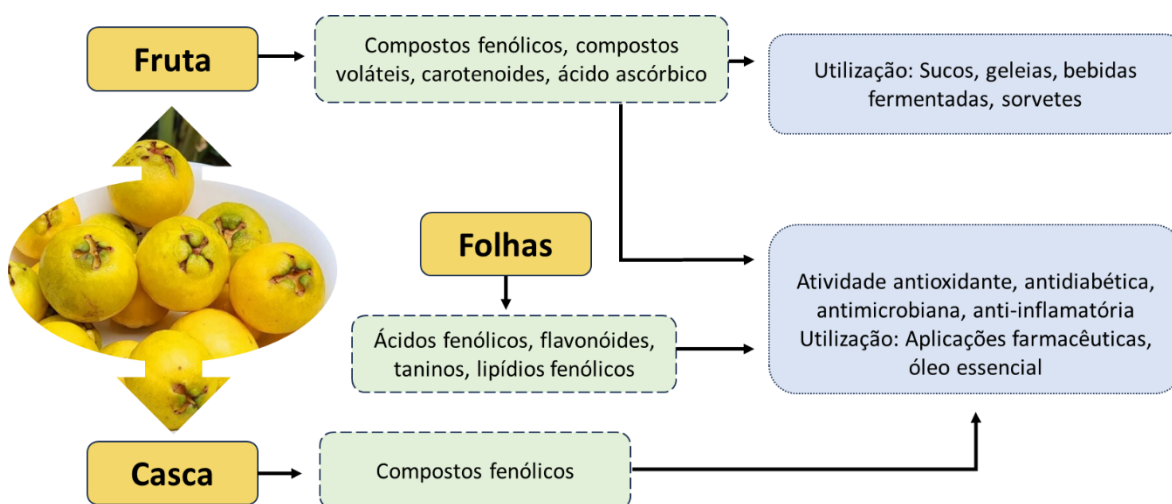


Figura 4. Compostos bioativos presentes na *Psidium cattleyanum* Sabine e suas aplicações

Fonte: Autor, 2025

A *P. cattleyanum* oferece diversos benefícios à saúde, sendo uma opção versátil para aplicação em fitoquímica, farmacêutica, medicinal e alimentação. Seu uso potencial pode resultar na confecção de medicamentos e produtos farmacêuticos, bem como m

alimentos enriquecidos com propriedades funcionais, presentes não apenas na fruta e polpa, mas também nas folhas e casca.

3.8 Potencial antioxidante

A ingestão de compostos bioativos provenientes de fontes vegetais, com potencial antioxidante, desempenha um papel relevante na saúde humana e na prevenção de doenças. As pesquisas atuais têm focado em antioxidantes naturais encontrados em plantas e seus subprodutos, visando substituir os antioxidantes sintéticos que podem resultar em efeitos prejudiciais, como danos ao fígado e rins (SRUTHI, NAIDU 2023).

Diferentes frações fenólicas da polpa-casca e semente de genótipos *P. cattleyanum* foram estudadas, visando identificar e quantificar os compostos fenólicos relacionados à atividade inibitória das enzimas (PEREIRA *et al.*, 2020). Foi detectado que os extratos e frações da espécie possuem compostos bioativos com atividade antioxidante e propriedades inibidoras de α -glicosidase que podem ser adicionados em formulações de alimentos ou produtos farmacêuticos à base de plantas para controlar os níveis de glicose no sangue.

Em um estudo *in vivo*, Nora *et al.* (2014) relataram que o extrato em pó de frutos da *P. cattleyanum* liofilizado apresentou redução nos parâmetros alterados pelo estresse oxidativo induzido pela cisplatina. Os ratos alimentados com o extrato em pó da espécie apresentaram níveis inferiores de glicose, colesterol LDL, colesterol LDL oxidado e colesterol total em comparação com os animais controle (que foram induzidos por cisplatina, mas não receberam a *P. cattleyanum* na alimentação). Além disso, os animais que consumiram tiveram menor acúmulo de gordura no fígado e mostraram uma melhora no perfil lipídico geral.

3.9 Potencial antimicrobiano

Recentemente, tem se observado um aumento significativo nos estudos que avaliam o potencial antimicrobiano de plantas e seus subprodutos. Apesar de serem comumente tratados como resíduos, estudos têm apontado que a casca, sementes, folhas e amêndoas, são fontes valiosas de compostos bioativos, como polifenóis, taninos e flavonoides, os quais possuem diversas propriedades importantes, incluindo atividade antimicrobiana (GYAWALI, IBRAHIM 2014).

Ao avaliarem o potencial antimicrobiano de compostos bioativos extraídos do bagaço de frutas nativas brasileiras, incluindo a *P. cattleyanum*, para aplicação em

embalagens ativas Santos *et al.* (2023) observaram ação antimicrobiana contra *Listeria monocytogenes*, *Listeria innocua* e *Bacillus cereus*. Como resultado, os filmes produzidos com esses compostos apresentam-se como uma opção viável para o controle efetivo do processo de refrigeração de alimentos.

O extrato hidroalcoólico de araçá (HEA) também foi testado e demonstrou atividade antibacteriana contra *Staphylococcus aureus*, indicando seu potencial como adjuvante natural na preservação de alimentos. Além disso, foram investigados os mecanismos de ação envolvidos na atividade antimicrobiana do HEA, proporcionando evidências que reforçam sua utilidade como uma alternativa natural para melhorar a conservação de alimentos (LIMA *et al.*, 2020).

Soliman *et al.* (2016) avaliaram a atividade antimicrobiana *in vitro* de óleos voláteis de *P. cattleyanum* contra bactérias selecionadas Gram positivas e Gram negativas. Os resultados dos estudos demonstraram potente inibição antibacteriana contra *Saphylococcus aureus* e *Neisseria. gonorrhoeae*, o que sugere um potencial uso medicinal e terapêutico desses óleos voláteis para o tratamento de doenças infecciosas como escarlatina, infecções respiratórias superiores, uretrite, cervicite, faringite, e para melhorar as complicações resultantes da gonorréia, incluindo doença inflamatória pélvica, gravidez ectópica e infertilidade.

3.10 Potencial anticancerígeno

As atividades antiproliferativas da fração clorofórmica (CF) do extrato da folha de *P. cattleyanum* foram avaliadas usando várias linhagens de células cancerígenas (MOON *et al.*, 2011). Os autores observaram que o extrato da folha utilizado inibiu a proliferação de células SNU-16 de câncer gástrico humano, que está associada à regulação do ciclo celular e à indução de apoptose. Medina *et al.* (2011) conduziram testes utilizando extratos de *P. cattleyanum* como agentes antiproliferativos em células de câncer mamário (MCF-7) e de câncer de cólon (células Caco-2), com células fibroblásticas embrionárias de rato 3T3 como grupo controle. Os extratos aquosos e acetônico foram testados em concentrações de 40, 60 e 80 µg/mL, resultando em uma redução na proliferação de ambas as células cancerígenas.

3.11 Potencial antidiabético

Os extratos da *P. cattleyanum* apresentaram excelente capacidade antidiabética *in vitro* e *in vivo*. Os extratos da espécie foram investigados como potenciais inibidores de enzimas digestivas, e os genótipos da *P. cattleyanum* apresentaram uma notável capacidade de inibir a enzima alfa-glicosidase apontando como uma alternativa promissora para controlar a hiperglicemia em condições *in vitro* (VINHOLES *et al.*, 2017). Já nos estudos *in vivo*, o extrato da *P. cattleyanum* administrado na dose de 200 mg/kg/dia, por um período de 21 dias, demonstrou sua eficácia em prevenir a ocorrência de hiperglicemia e hipertrigliceridemia em ratos com resistência à insulina, resultante da indução por dexametasona (CARDOSO *et al.*, 2017).

Esses resultados indicam o potencial terapêutico significativo desses extratos no combate ao diabetes e na regulação dos níveis de glicose e triglicerídeos em organismos vivos, sugerindo que possam ser considerados como uma promissora opção terapêutica para o tratamento de condições metabólicas associadas à hiperglicemia.

3.12 Perspectivas e oportunidades da *P. cattleyanum* na Indústria farmacêutica

A investigação sobre as atividades farmacológicas com a espécie tem aumentado nos últimos anos, uma vez que diferentes estudos mostram seu potencial aplicação na saúde humana. Um estudo realizado por Sangalli *et al.* (2018) avaliou a atividade antimicrobiana dos extratos de folhas de *P. cattleyanum* combinados com hidróxido de cálcio contra o biofilme de *Enterococcus faecalis* e *Candida albicans*. O extrato etanólico das folhas da espécie demonstrou uma rápida atividade antimicrobiana contra *E. faecalis*, resultando em uma significativa redução da carga microbiana em 24 horas.

Em ratos machos Wistar adultos uma interessante resposta foi observada na pesquisa de Cardoso *et al.* (2018); os extratos da *P. cattleyanum* apresentaram efeitos anti-hiperglicêmicos, antidislipidêmicos e antioxidantes. Esses resultados sugerem que os extratos da espécie podem ser úteis no manejo terapêutico das alterações associadas à resistência à insulina.

Saber *et al.* (2018) investigaram a eficácia dos extratos das folhas de *P. cattleyanum*, juntamente com seus nanolipossomas, foi avaliada na melhora da hepatotoxicidade induzida pelo paracetamol em ratos. Os resultados indicaram que esses extratos e nanolipossomas apresentaram benefícios na proteção do fígado contra os danos causados pelo paracetamol. Esses estudos ressaltam o potencial terapêutico dos extratos da espécie em diferentes condições de saúde, como alterações metabólicas e danos

hepáticos, fornecendo uma base para futuras investigações e desenvolvimento de tratamentos.

A *P. cattleyanum* tem despertado interesse na comunidade científica devido ao estudo de suas diferentes partes, apresentando resultados satisfatórios em diversas áreas da saúde. O extrato da folha da *P. cattleyanum* foi objeto de estudo e patentado (KR20060133298A), comprovando sua capacidade de prevenir o câncer e inibir a metástase. A patente descreve de forma detalhada o extrato de folha dessa espécie como o princípio ativo responsável por esses efeitos benéficos.

Além disso, o crescente número de depósitos de patentes relacionados ao uso da espécie em aplicações farmacêuticas, como loção para a pele (JP2005306851A), sabonete processado a frio (CN105441230A) e antidiabético oral (WO2007053865A1), destaca a expansão desse campo promissor.

3.13 Perspectivas e oportunidades da *P. cattleyanum* na Indústria alimentícia

A *P. cattleyanum*, frequentemente consumida *in natura* por comunidades nativas, apresenta um potencial promissor na indústria de alimentos. Diversos estudos têm comprovado sua viabilidade e aplicação em diferentes segmentos da indústria alimentícia. Por exemplo, a fruta tem sido utilizada na fabricação de geleias (REISIG *et al.*, 2016), produção de sucos naturais (SANTOS *et al.*, 2007) e na obtenção de polpas (CRIZEL *et al.*, 2017). Além disso, tem sido explorada na produção de iogurtes, enriquecendo-os com seus benefícios nutricionais (SANTOS *et al.*, 2008). Essas descobertas reforçam o potencial da espécie como uma matéria-prima versátil e atrativa para a indústria alimentícia, oferecendo novas oportunidades de desenvolvimento de produtos inovadores e saudáveis.

Além da utilização, estão sendo conduzidas pesquisas com o objetivo de avaliar a aceitabilidade de produtos derivados da *P. cattleyanum*. Estudos recentes demonstraram que as balas mastigáveis convencionais e de baixo teor calórico formuladas com polpa da *P. cattleyanum* obtiveram alta aceitabilidade, com um índice de aceitação superior a 70% (VERGARA *et al.*, 2020). Além disso, a inclusão da *P. cattleyanum* em iogurtes resultou em um aumento no teor de minerais e uma melhora na textura, o que levou a uma boa aceitação sensorial por 74% dos consumidores (SANTOS *et al.*, 2008).

A incorporação de frutos de espécies nativas, como a *P. cattleyanum*, na formulação de produtos alimentícios apresenta-se como uma alternativa promissora. Essa

abordagem permite a produção de alimentos sem a necessidade de adição de compostos artificiais, ao mesmo tempo em que acrescenta compostos provenientes da fruta que estão associados a benefícios para a saúde.

3.14 Perspectivas e oportunidades da *P. cattleyanum* no Melhoramento genético

As perspectivas e oportunidades no campo do melhoramento genético da *P. cattleyanum* são promissoras, dada a presença de características agronômicas desejáveis, como resistência a pragas e doenças, adaptação a diferentes condições climáticas e alta produtividade de frutos (REISIG *et al.*, 2016).

Dentro desse contexto, existem diversas possibilidades de atuação no campo do melhoramento genético da *P. cattleyanum*. Uma dessas oportunidades é a busca por variedades que apresentem características superiores, como frutos de maior tamanho, melhor qualidade sensorial, resistência a doenças específicas ou teores elevados de compostos bioativos. Essas características podem ser determinantes para a valorização dos frutos no mercado e para atender às demandas dos consumidores.

Para alcançar esses objetivos, ferramentas biotecnológicas podem ser empregadas na *P. cattleyanum*. Uma das abordagens é a seleção assistida por marcadores moleculares, que podem ser utilizadas para acelerar o processo seletivo e aumentar a eficiência na obtenção de indivíduos com maior potencial genético (Urquía *et al.* 2020; KUMAR *et al.*, 2023). Além disso, é possível realizar cruzamentos controlados entre genótipos distintos com o intuito de transferir genes de interesse, visando combinar características favoráveis e obter descendentes com um potencial genético superior (TULER *et al.*, 2015).

Apesar das informações e estratégias de melhoramento disponíveis, ainda há áreas que precisam ser exploradas para a *P. cattleyanum*. É necessário aprofundar o conhecimento sobre a variabilidade genética presente na espécie, compreender os mecanismos de herança de características desejáveis e avaliar as interações genéticas e ambientais que influenciam o seu desenvolvimento. Dessa forma, a continuidade da pesquisa e o desenvolvimento de novas estratégias de melhoramento são fundamentais para explorar o potencial genético da espécie, visando a obtenção de variedades produtivas que atendam às demandas agronômicas, comerciais e nutricionais

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos últimos anos, observa-se um aumento na pesquisa com relação a *P. cattleyanum*, indicando sua relevância científica. A expansão de conhecimento sobre a espécie ocorre em diversas áreas de estudo, principalmente nas ciências de plantas, tecnologia de alimentos e farmácia. O Brasil, por meio de suas instituições de pesquisa, tem desempenhado um papel fundamental, tanto no desenvolvimento de estudos quanto na disseminação de informações a nível global, fortalecendo a colaboração internacional e o avanço no entendimento da espécie.

A espécie tem se destacado como uma fonte promissora de compostos bioativos, evidenciando seu valor para diferentes cadeias produtivas. A valorização desses compostos, além de contribuir para a melhoria das propriedades sensoriais dos alimentos e sua acessibilidade no mercado, oferece oportunidades para o desenvolvimento de produtos funcionais.

Além disso, o uso de estratégias de melhoramento genético pode potencializar as características de interesse e comerciais da espécie, ampliando seu valor no contexto agrícola e industrial. Assim, a *P. cattleyanum* revela-se uma espécie de grande relevância científica e econômica, com vasto potencial para aplicações futuras em diversas áreas de interesse.

5. REFERÊNCIAS

- ABDELWAHAB, S. I.; TAHA, M. M. E.; MONI, S. S.; ALSAYEGH, A. A. Bibliometric mapping of solid lipid nanoparticles research (2012–2022) using VOSviewer. **Medicine in Novel Technology and Devices**, v. 17, p. 100217, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.MEDNTD.2023.100217>.
- AKINLOLU, M.; HAUPT, T. C.; EDWARDS, D. J.; SIMPEH, F. A bibliometric review of the status and emerging research trends in construction safety management technologies. **International Journal of Construction Management**, v. 22, n. 14, p. 2699–2711, 2020. <https://doi.org/10.1080/15623599.2020.1819584>.
- AMAH, D.; BILJON, A. van; BROWN, A.; PERKINS-VEAZIE, P.; SWENNEN, R.; LABUSCHAGNE, M. Recent advances in banana (*musa spp.*) biofortification to alleviate vitamin A deficiency. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v. 59, n. 21, p. 3498–3510, 2018. <https://doi.org/10.1080/10408398.2018.1495175>.
- AMARAL, S. da C.; ROUX, D.; CATON, F.; RINAUDO, M.; BARBIERI, S. F.; SILVEIRA, J. L. M. Extraction, characterization and gelling ability of pectins from Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) fruits. **Food Hydrocolloids**, v. 121, p. 106845, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FOODHYD.2021.106845>.

AVELINO, N. R.; SCHILLING, A. C.; DALMOLIN, Â. C.; DOS SANTOS, M. S.; MIELKE, M. S. Alocação de biomassa e indicadores de crescimento para a avaliação da qualidade de mudas de espécies florestais nativas. **Ciência Florestal**, v. 31, n. 4, p. 1733–1750, 2021. <https://doi.org/10.5902/1980509843229>.

BARBOSA, J. M.; ASNER, G. P.; HUGHES, R. F.; JOHNSON, M. T. Landscape-scale GPP and carbon density infor patterns and impacts of an invqsive tree across wet forests of Hawaii. **Ecological Applications**, v. 27, n. 2, p. 403–415, 2017. <https://doi.org/10.1002/EAP.1445/FULL>.

BARBOSA, J. M.; ASNER, G. P.; MARTIN, R. E.; BALDECK, C. A.; HUGHES, F.; JOHNSON, T. Determining Subcanopy *Psidium cattleianum* Invasion in Hawaiian Forests Using Imaging Spectroscopy. **Remote Sensing**, v. 8, n. 1, p. 33, 2016. <https://doi.org/10.3390/RS8010033>.

BARRADAS, Y. de M.; BORSOI, F. T.; DACOREGGIO, M. V.; MORONI, L. S.; SILVA ROSA BONADIMAN, B. da; MARAFON, F.; GIACOBBO, C. L.; BAGATINI, M. D.; KEMPKA, A. P. Phytochemical profiling, antidiabetic, antitumoral and cytotoxic potential of *Psidium cattleianum* Afzel. ex Sabine leaves of red variety. **Natural Product Research**, v. 37, n. 4, p. 608–612, 2023. <https://doi.org/10.1080/14786419.2022.2065484>.

BIAZATTI, M. A.; MARINHO, C. S.; ARANTES, M. B. de S.; GUILHERME, D. de O. Multiplication of Cattley guava by different techniques and variability among genotypes in vigor and rooting. **CERNE**, v. 24, n. 4, p. 379–386, 2018. <https://doi.org/10.1590/01047760201824042571>.

BIAZATTI, M. A.; SOUZA, R. M. de; MARINHO, C. S.; GUILHERME, D. de O.; CAMPOS, G. S.; GOMES, V. M.; BREMENKAMP, C. A. Resistência de genótipos de araçazeiros a *Meloidogyne enterolobii*. **Ciência Rural**, v. 46, n. 3, p. 418–420, 2016. <https://doi.org/10.1590/0103-8478CR20140488>.

BIEGELMEYER, R.; ANDRADE, J. M. M.; ABOY, A. L.; APEL, M. A.; DRESCH, R. R.; MARIN, R.; RASEIRA, M. do C. B.; HENRIQUES, A. T. Comparative Analysis of the Chemical Composition and Antioxidant Activity of Red (*Psidium cattleianum*) and Yellow (*Psidium cattleianum* var. *lucidum*) Strawberry Guava Fruit. **Journal of Food Science**, v. 76, n. 7, p. C991–C996, 2011. <https://doi.org/10.1111/J.1750-3841.2011.02319.X>.

BITTENCOURT, G. M.; FIRMIANO, D. M.; FACHINI, R. P.; LACAZ-RUIZ, R.; FERNANDES, A. M.; OLIVEIRA, A. L. Application of Green Technology for the Acquisition of Extracts of Araçá (*Psidium grandifolium* Mart. ex DC.) Using Supercritical CO₂ and Pressurized Ethanol: Characterization and Analysis of Activity. **Journal of Food Science**, v. 84, n. 6, p. 1297–1307, 2019. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.14584>.

BOMBARDELLI, M. C. M.; MACHADO, C. S.; KOTOVICZ, V.; KRUGER, R. L.; SANTA, O. R. D.; TORRES, Y. R.; CORAZZA, M. L.; SILVA, E. A. Extracts from red Araçá (*Psidium cattleianum*) fruits: Extraction process, modelling and assessment of the

bioactivity potentialities. **The Journal of Supercritical Fluids**, v. 176, p. 105278, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.SUPFLU.2021.105278>.

BREMENKAMP, C. A.; MARINHO, C. S.; CAMPOS, G. S. Phenological characteristics of genotypes from cattley guava and guava trees submitted to fructification pruning. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 38, n. 4, p. e-727, 2016. <https://doi.org/10.1590/0100-29452016727>.

BRITTON, G.; KHACHICK, F. Carotenoids in Food. *In: [S. l.]*: Birkhäuser, 2009.

CANAL, D.; ESCUDERO, F. L. G.; MENDES, L. A.; DA SILVA FERREIRA, M. F.; TURCHETTO-ZOLET, A. C. Genome-wide identification, expression profile and evolutionary relationships of TPS genes in the neotropical fruit tree species *Psidium cattleianum*. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, p. 1–16, 2023. <https://doi.org/10.1038/S41598-023-31061-5>.

CARDOSO, J. C.; COSTA, B. T.; ALMEIDA, E. J. de. Pollination and in vitro germination of seeds for interspecific hybridization of *Psidium guajava* and *Psidium cattleianum*. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 1–10, 2017. <https://doi.org/10.1007/S10681-017-1929-X/FIGURES/4>.

CARDOSO, J. S. *et al.* Antioxidant, antihyperglycemic, and antidyslipidemic effects of Brazilian-native fruit extracts in an animal model of insulin resistance. **Redox Report**, v. 23, n. 1, p. 41–46, 2017. <https://doi.org/10.1080/13510002.2017.1375709>.

CASTRO, M. R.; VICTORIA, F. N.; OLIVEIRA, D. H.; JACOB, R. G.; SAVEGNAGO, L.; ALVES, D. Essential oil of *Psidium cattleianum* leaves: antioxidant and antifungal activity. **Pharmaceutical biology**, v. 53, n. 2, p. 242–250, 2015. <https://doi.org/10.3109/13880209.2014.914231>.

CAZZONELLI, C. I. Carotenoids in nature: insights from plants and beyond. **Functional Plant Biology**, v. 38, n. 11, p. 833–847, 2011. <https://doi.org/10.1071/FP11192>.

CHAVES, V. C.; BOFF, L.; VIZZOTTO, M.; CALVETE, E.; REGINATTO, F. H.; SIMÕES, C. M. O. Berries grown in Brazil: anthocyanin profiles and biological properties. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 98, n. 11, p. 4331–4338, 2018. <https://doi.org/10.1002/JSFA.8959>.

COSTA, S.; CALDEIRA, R. Bibliometric analysis of ocean literacy: An underrated term in the scientific literature. **Marine Policy**, v. 87, p. 149–157, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.MARPOL.2017.10.022>.

DACOREGGIO, M. V.; MORONI, L. S.; KEMPKA, A. P. Antioxidant, antimicrobial and allelopathic activities and surface disinfection of the extract of *Psidium cattleianum* Sabine leaves. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**, v. 21, p. 101295, 2019. <https://doi.org/10.1016/J.BCAB.2019.101295>.

DENARDIN, C. C.; HIRSCH, G. E.; DA ROCHA, R. F.; VIZZOTTO, M.; HENRIQUES, A. T.; MOREIRA, J. C. F.; GUMA, F. T. C. R.; EMANUELLI, T. Antioxidant capacity and bioactive compounds of four Brazilian native fruits. **Journal**

of **Food and Drug Analysis**, v. 23, n. 3, p. 387–398, 2015.
<https://doi.org/10.1016/J.JFDA.2015.01.006>.

DIN, S. U.; KHAN, M. A.; FARID, H.; RODRIGO, P. Proactive personality: A bibliographic review of research trends and publications. **Personality and Individual Differences**, v. 205, p. 112066, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.PAID.2022.112066>.

DONTHU, N.; KUMAR, S.; MUKHERJEE, D.; PANDEY, N.; LIM, W. M. How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. **Journal of Business Research**, v. 133, p. 285–296, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.JBUSRES.2021.04.070>.

EGEA, M. B.; PEREIRA-NETTO, A. B.; CACHO, J.; FERREIRA, V.; LOPEZ, R. Comparative analysis of aroma compounds and sensorial features of strawberry and lemon guavas (*Psidium cattleianum* Sabine). **Food Chemistry**, v. 164, p. 272–277, 2014. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2014.05.028>.

FLORENS, F. B. V.; BAIDER, C.; MARTIN, G. M. N.; SEEGOOLAM, N. B.; ZMANAY, Z.; STRASBERG, D. Invasive alien plants progress to dominate protected and best-preserved wet forests of an oceanic island. **Journal for Nature Conservation**, v. 34, p. 93–100, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.JNC.2016.09.006>.

FRAZON, R. C.; CAMPOS, L. Z. de O.; PROENÇA, C. E. B.; SOUSA-SILVA, J. C. **Araças do Gênero *Psidium*: principais espécies, ocorrência, descrição e usos**. Planaltina, DF: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Embrapa Cerrados Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2009.

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. Resistant accessions of wild *Psidium* spp. to *Meloidogyne enterolobii* and histological characterization of resistance. **Plant Pathology**, v. 63, n. 4, p. 738–746, 2014. <https://doi.org/10.1111/PPA.12149>.

GYAWALI, R.; IBRAHIM, S. A. Natural products as antimicrobial agents. **Food Control**, v. 46, p. 412–429, 2014. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCONT.2014.05.047>.

HUGHES, R. F.; GROSSMAN, D.; SOWARDS, T. G.; MARSHALL, J. D.; MUELLER-DOMBOIS, D. Aboveground carbon accumulation by second-growth forests after deforestation in Hawai'i. **Ecological Applications**, v. 32, n. 4, p. e2539, 2022. <https://doi.org/10.1002/EAP.2539>.

INFANTE, J.; ROSALEN, P. L.; LAZARINI, J. G.; FRANCHIN, M.; ALENCAR, S. M. de. Antioxidant and Anti-Inflammatory Activities of Unexplored Brazilian Native Fruits. **PLOS ONE**, v. 11, n. 4, p. e0152974, 2016.
<https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0152974>.

JIMÉNEZ-CASTRO, M. P.; BULLER, L. S.; SGANZERLA, W. G.; FORSTER-CARNEIRO, T. Bioenergy production from orange industrial waste: a case study. **Biofuels, Bioproducts and Biorefining**, v. 14, n. 6, p. 1239–1253, 2020.
<https://doi.org/10.1002/BBB.2128>.

KARYGIANNI, L.; AL-AHMAD, A.; ARGYROPOULOU, A.; HELLWIG, E.; ANDERSON, A. C.; SKALTSOUNIS, A. L. Natural antimicrobials and oral

microorganisms: A systematic review on herbal interventions for the eradication of multispecies oral biofilms. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 1529, 2016. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2015.01529/BIBTEX>.

KUMAR, S.; SINGH, A.; YADAV, A.; BAJPAI, A.; SINGH, N. K.; RAJAN, S.; TRIVEDI, M.; M, M. Identification and validation of novel genomic SSR markers for molecular characterization of guava (*Psidium guajava* L.). **South African Journal of Botany**, v. 155, p. 79–89, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.02.005>.

LATTUADA, D. S.; RIETH, S.; BACK, M. M.; SOUZA, P. V. D. de. Interação entre endomicorizas e frutíferas nativas (Myrtaceae) no Rio Grande do Sul. **Ciência Florestal**, v. 29, n. 4, p. 1726–1736, 2019. <https://doi.org/10.5902/1980509837389>.

LAZAROTTO, J. S.; DA BOIT MARTINELLO, K.; GEORGIN, J.; FRANCO, D. S. P.; NETTO, M. S.; PICCILLI, D. G. A.; SILVA, L. F. O.; LIMA, E. C.; DOTTO, G. L. Application of araçá fruit husks (*Psidium cattleianum*) in the preparation of activated carbon with FeCl₃ for atrazine herbicide adsorption. **Chemical Engineering Research and Design**, v. 180, p. 67–78, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.CHERD.2022.01.044>.

LIMA, A. S. de; MAIA, D. V.; HAUBERT, L.; OLIVEIRA, T. L.; FIORENTINI, Â. M.; ROMBALDI, C. V.; SILVA, W. P. Action mechanism of araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) hydroalcoholic extract against *Staphylococcus aureus*. **LWT**, v. 119, p. 108884, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2019.108884>.

LLOPIS, S.; RODRIGO, M. J.; GONZÁLEZ, N.; GENOVÉS, S.; ZACARÍAS, L.; RAMÓN, D.; MARTORELL, P. β -Cryptoxanthin Reduces Body Fat and Increases Oxidative Stress Response in *Caenorhabditis elegans* Model. **Nutrients**, v. 11, n. 2, 2019. <https://doi.org/10.3390/NU11020232>.

MALLMANN, L. P.; TISCHER, B.; VIZZOTTO, M.; RODRIGUES, E.; MANFROI, V. Comprehensive identification and quantification of unexploited phenolic compounds from red and yellow araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) by LC-DAD-ESI-MS/MS. **Food Research International**, v. 131, p. 108978, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.108978>.

MBOBO, T.; RICHARDSON, D. M.; GWYNNE-EVANS, D.; DEACON, J.; WILSON, J. R. U. *Psidium cattleianum* (Myrtaceae) invasions in South Africa: Status and prognosis. **South African Journal of Botany**, v. 150, p. 412–419, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.07.002>.

MEDEIROS, F. C. M.; DEL MENEZZI, C. H. S.; BIZZO, H. R.; VIEIRA, R. F. Scents from Brazilian Cerrado: *Psidium myrsinites* DC. (Myrtaceae) leaves and inflorescences essential oil. **Journal of Essential Oil Research**, v. 27, n. 4, p. 289–292, 2015. <https://doi.org/10.1080/10412905.2015.1037020>.

MEDINA, A. L.; HAAS, L. I. R.; CHAVES, F. C.; SALVADOR, M.; ZAMBIAZI, R. C.; DA SILVA, W. P.; NORA, L.; ROMBALDI, C. V. Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) fruit extracts with antioxidant and antimicrobial activities and antiproliferative effect on human cancer cells. **Food Chemistry**, v. 128, n. 4, p. 916–922, 2011. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2011.03.119>.

- MEREGALLI, M. M.; PUTON, B. M. S.; CAMERA, F. D. M.; AMARAL, A. U.; ZENI, J.; CANSIAN, R. L.; MIGNONI, M. L.; BACKES, G. T. Conventional and ultrasound-assisted methods for extraction of bioactive compounds from red araçá peel (*Psidium cattleianum* Sabine). **Arabian Journal of Chemistry**, v. 13, n. 6, p. 5800–5809, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.ARABJC.2020.04.017>.
- MITRA, S. K.; IRENAEUS, T. K. S.; GURUNG, M. R.; PATHAK, P. K. Taxonomy and importance of Myrtaceae. **Acta Horticulturae**, v. 959, p. 23–34, 2012. <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2012.959.2>.
- MOON, J. Y.; MOSADDIK, A.; KIM, H.; CHO, M.; CHOI, H. K.; KIM, Y. S.; CHO, S. K. The chloroform fraction of guava (*Psidium cattleianum* sabine) leaf extract inhibits human gastric cancer cell proliferation via induction of apoptosis. **Food Chemistry**, v. 125, n. 2, p. 369–375, 2011. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2010.09.007>.
- MORAES, L. de L. S.; RODRIGUES, N. R.; DAL FORNO, A. H.; TAMBARA, A. L.; BOLDORI, J. R.; VIZZOTTO, M.; QUATRIN, A.; EMANUELLI, T.; DENARDIN, C. C. Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) ethanol extracts increase lifespan and alleviate oxidative stress in *Caenorhabditis elegans*. **Journal of Agriculture and Food Research**, v. 11, p. 100505, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.JAFR.2023.100505>.
- MUÑOZ, E.; VELÁSQUEZ, P.; RODRIGUEZ, K.; MONTENEGRO, G.; GIORDANO, A. Influence of *Brassica campestris* and *Galega officinalis* on Antioxidant Activity of Bee Pollen. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 30, n. 3, p. 444–449, 2020. <https://doi.org/10.1007/S43450-020-00065-X/FIGURES/2>.
- NIELSEN, S. B.; LEMIRE, S.; BOURGEOIS, I.; FIERRO, L. A. Mapping the evaluation capacity building landscape: A bibliometric analysis of scholarly communities and themes. **Evaluation and Program Planning**, v. 99, p. 102318, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.EVALPROGPLAN.2023.102318>.
- NORA, C. D.; DANELLI, D.; SOUZA, L. F.; RIOS, A. de O.; JONG, E. V.; FLÔRES, S. H. Protective effect of guabiju (*Myrcianthes pungens* (O. Berg) D. Legrand) and red guava (*Psidium cattleyanum* Sabine) against cisplatin-induced hypercholesterolemia in rats. **Brazilian Journal of Pharmaceutical Sciences**, v. 50, n. 3, p. 483–491, 2014. <https://doi.org/10.1590/S1984-82502014000300006>.
- OLIVEIRA, P. S. *et al.* Southern Brazilian native fruit shows neurochemical, metabolic and behavioral benefits in an animal model of metabolic syndrome. **Metabolic Brain Disease**, v. 33, n. 5, p. 1551–1562, 2018. <https://doi.org/10.1007/S11011-018-0262-Y/FIGURES/5>.
- PEREIRA, E. dos S.; RAPHAELLI, C. de O.; RADÜNZ, M.; CAMARGO, T. M.; VIZZOTTO, M. Biological activity and chemical composition of native fruits: a review. **Agrociencia Uruguay**, v. 25, n. 2, p. e815–e815, 2021. <https://doi.org/10.31285/AGRO.25.815>.
- PEREIRA, E. dos S.; VINHOLES, J.; FRANZON, R. C.; DALMAZO, G.; VIZZOTTO, M.; NORA, L. *Psidium cattleianum* fruits: A review on its composition and bioactivity. **Food Chemistry**, v. 258, p. 95–103, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.03.024>.

PEREIRA, E. dos S.; VINHOLES, J. R.; CAMARGO, T. M.; NORA, F. R.; CRIZEL, R. L.; CHAVES, F.; NORA, L.; VIZZOTTO, M. Characterization of araçá fruits (*Psidium cattleianum* Sabine): Phenolic composition, antioxidant activity and inhibition of α -amylase and α -glucosidase. **Food Bioscience**, v. 37, p. 100665, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2020.100665>.

PEREIRA, E. dos S.; VINHOLES, J. R.; CAMARGO, T. M.; RAPHAELLI, C. de O.; FERRI, N. M. L.; NORA, L.; VIZZOTTO, M. Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine): bioactive compounds, antioxidant activity and pancreatic lipase inhibition. **Ciência Rural**, v. 51, n. 11, p. e20200778, 2021. <https://doi.org/10.1590/0103-8478CR20200778>.

PONZILACQUA, B.; ROTTINGHAUS, G. E.; LANDERS, B. R.; OLIVEIRA, C. A. F. Effects of medicinal herb and Brazilian traditional plant extracts on in vitro mycotoxin decontamination. **Food Control**, v. 100, p. 24–27, 2019. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCONT.2019.01.009>.

PROENÇA, C. E. B.; TULER, A. C.; LUCAS, E. J.; VASCONCELOS, T. N. D. C.; FARIA, J. E. Q. de; STAGGEMEIER, V. G.; DE-CARVALHO, P. S.; FORNI-MARTINS, E. R.; INGLIS, P. W.; MATA, L. R. da; COSTA, I. R. da. Diversity, phylogeny and evolution of the rapidly evolving genus *Psidium* L. (Myrtaceae, Myrteae). **Annals of Botany**, v. 129, n. 4, p. 367–388, 2022. <https://doi.org/10.1093/AOB/MCAC005>.

REISIG, G. N.; VERGARA, L. P.; FRANZON, R. C.; RODRIGUES, R. da S.; CHIM, J. F. Bioactive compounds in conventional and no added sugars red strawberry guava (*Psidium cattleianum* Sabine) Jellies. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 38, n. 3, p. 1–7, 2016. <https://doi.org/10.1590/0100-29452016062>.

RIBEIRO, A. B.; CHISTÉ, R. C.; FREITAS, M.; DA SILVA, A. F.; VISENTAINER, J. V.; FERNANDES, E. *Psidium cattleianum* fruit extracts are efficient in vitro scavengers of physiologically relevant reactive oxygen and nitrogen species. **Food Chemistry**, v. 165, p. 140–148, 2014. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2014.05.079>.

ROBAINA, R. R.; CAMPOS, G. S.; MARINHO, C. S.; SOUZA, R. M.; BREMENKAMP, C. A. Grafting guava on cattley guava resistant to *Meloidogyne enterolobii*. **Ciência Rural**, v. 45, n. 9, p. 1579–1584, 2015. <https://doi.org/10.1590/0103-8478CR20131412>.

ROBERTS, M.; STRAUCH, A. M.; WIEGNER, T.; MACKENZIE, R. A. Leaf Litter Breakdown of Native and Exotic Tree Species in Two Hawaiian Streams that Differ in Flow1. **Pacific Science**, v. 70, n. 2, p. 209–222, 2016. <https://doi.org/10.2984/70.2.7>.

RODRIGUEZ, E. A. G.; PRADELLA, E. M.; DE SOUZA, P. V. D.; SCHAFER, G. Asexual propagation of araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) by leaf and young branches cuttings. **Revista Árvore**, v. 40, n. 4, p. 707–714, 2016. <https://doi.org/10.1590/0100-67622016000400014>.

ROMANELLI, J. P.; GONÇALVES, M. C. P.; DE ABREU PESTANA, L. F.; SOARES, J. A. H.; BOSCHI, R. S.; ANDRADE, D. F. Four challenges when conducting bibliometric reviews and how to deal with them. **Environmental Science and**

Pollution Research, v. 28, n. 43, p. 60448–60458, 2021.
<https://doi.org/10.1007/S11356-021-16420-X>/METRICS.

ROYLE, P.; KANDALA, N. B.; BARNARD, K.; WAUGH, N. Bibliometrics of systematic reviews: analysis of citation rates and journal impact factors. *Systematic reviews*, v. 2, n. 1, p. 74, 2013. <https://doi.org/10.1186/2046-4053-2-74>/TABLES/5.

SABER, F. R.; ABDELBAR, G. A.; SALAMA, M. M.; SALEH, D. O.; FATHY, M. M.; SOLIMAN, F. M. UPLC/QTOF/MS profiling of two *Psidium* species and the in-vivo hepatoprotective activity of their nano-formulated liposomes. **Food Research International**, v. 105, p. 1029–1038, 2018.
<https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2017.12.042>.

SANDRI, I. G.; PIEMOLINI-BARRETO, L. T.; FONTANA, R. C.; DA SILVEIRA, M. M. Application of enzymatic preparations to produce araçá pulp and juice. **Food Science and Technology**, v. 34, n. 4, p. 657–662, 2014. <https://doi.org/10.1590/1678-457X.6381>.

SANGALLI, J.; JARDIM JÚNIOR, E. G.; BUENO, C. R. E.; JACINTO, R. C.; SIVIERI-ARAÚJO, G.; FILHO, J. E. G.; CINTRA, L. T. Â.; DEZAN JUNIOR, E. Antimicrobial activity of *Psidium cattleianum* associated with calcium hydroxide against enterococcus faecalis and candida albicans: An in vitro study. **Clinical Oral Investigations**, v. 22, n. 6, p. 2273–2279, 2018. <https://doi.org/10.1007/S00784-017-2326-5>/FIGURES/1.

SANTOS, L. F. dos; BIDUSKI, B.; LOPES, S. T.; BERTOLIN, T. E.; SANTOS, L. R. dos. Brazilian native fruit pomace as a source of bioactive compounds on starch-based films: Antimicrobial activities and food simulator release. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 242, p. 124900, 2023.
<https://doi.org/10.1016/J.IJBIOMAC.2023.124900>.

SANTOS, M. da S.; CARNEIRO, E. B. B.; SCHAWAB, L. M.; ARAÚJO, W. C.; PETKOWICZ, C. L. O. Avaliação reológica e sensorial de iogurte enriquecido com polpa de *Psidium cattleianum* Sabine (Araçá Vermelho). **Higiene alimentar**, p. 105–108, 2008.

SCUR, M. C.; PINTO, F. G. S.; PANDINI, J. A.; COSTA, W. F.; LEITE, C. W.; TEMPON, L. G. Antimicrobial and antioxidant activity of essential oil and different plant extracts of *Psidium cattleianum* Sabine. **Brazilian Journal of Biology**, v. 76, n. 1, p. 101–108, 2016. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.13714>.

SHIVANI; AWASTHI, P.; SHARMA, V.; KAUR, N.; KAUR, N.; PANDEY, P.; TIWARI, S. Genome-wide analysis of transcription factors during somatic embryogenesis in banana (*Musa spp.*) cv. Grand Naine. **Plos One**, v. 12, n. 8, p. e0182242, 2017. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0182242>.

SILVA, M. A.; SOARES, F. A. F.; CLARINDO, W. R.; MENDES, L. A.; ALVES, L. B.; FERREIRA, A.; DA SILVA FERREIRA, M. F. Genomic and epigenomic variation in *Psidium* species and their outcome under the yield and composition of essential oils. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, p. 1385, 2023. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-27912-w>

SILVA, N. A.; RODRIGUES, E.; MERCADANTE, A. Z.; ROSSO, V. V. de. Phenolic compounds and carotenoids from four fruits native from the Brazilian Atlantic forest. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 62, n. 22, p. 5072–5084, 2014. https://doi.org/10.1021/JF501211P/SUPPL_FILE/JF501211P_SI_002.PDF

SOLIMAN, F. M.; FATHY, M. M.; SALAMA, M. M.; SABER, F. R. Comparative study of the volatile oil content and antimicrobial activity of *Psidium guajava* L. and *Psidium cattleianum* Sabine leaves. **Bulletin of Faculty of Pharmacy**, v. 54, n. 2, p. 219–225, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.BFOPCU.2016.06.003>.

SOUZA-PÉREZ, M.; MOURELLE, D.; TRUJILLO, C.; BORGES, A.; SPERONI, G. Pollen grain performance in *Psidium cattleianum* (Myrtaceae): a pseudogamous polyploid species. **Flora**, v. 281, p. 151863, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FLORA.2021.151863>.

SRUTHI, P.; NAIDU, M. M. Cashew nut (*Anacardium occidentale* L.) testa as a potential source of bioactive compounds: A review on its functional properties and valorization. **Food Chemistry Advances**, v. 3, p. 100390, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOCHA.2023.100390>.

TULER, A. C.; DA SILVA, T.; CARRIJO, T. T.; GARBIN, M. L.; MENDONÇA, C. B. F.; PEIXOTO, A. L.; GONÇALVES-ESTEVES, V. Taxonomic significance of pollen morphology for species delimitation in *Psidium* (Myrtaceae). **Plant Systematics and Evolution**, v. 303, n. 3, p. 317–327, 2017. <https://doi.org/10.1007/S00606-016-1373-8/FIGURES/7>.

URQUÍA, D.; POZO, G.; GUTIERREZ, B.; ROWNTREE, J. K.; TORRES, M. de L. Understanding the genetic diversity of the guayabillo (*Psidium galapageium*), an endemic plant of the Galapagos Islands. **Global Ecology and Conservation**, v. 24, p. e01350, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2020.E01350>.

VERGARA, L. P.; RODRIGUES, R. da S.; ZAMBIAZI, R. C.; FRANZON, R. C.; CHIM, J. F. Perfil sensorial de balas mastigáveis convencionais e de reduzido valor calórico formuladas com polpa de Araçá Amarelo. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 3, p. 15362–15368, 2020. <https://doi.org/10.34117/bjdv6n3-420>.

VINHOLES, J.; LEMOS, G.; LIA BARBIERI, R.; FRANZON, R. C.; VIZZOTTO, M. In vitro assessment of the antihyperglycemic and antioxidant properties of araçá, butiá and pitanga. **Food Bioscience**, v. 19, p. 92–100, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2017.06.005>.

VINHOLES, J.; REIS, S. F.; LEMOS, G.; BARBIERI, R. L.; DE FREITAS, V.; FRANZON, R. C.; VIZZOTTO, M. Effect of in vitro digestion on the functional properties of *Psidium cattleianum* Sabine (araçá), *Butia odorata* (Barb. Rodr.) Noblick (butiá) and *Eugenia uniflora* L. (pitanga) fruit extracts. **Food & Function**, v. 9, n. 12, p. 6380–6390, 2018. <https://doi.org/10.1039/C8FO01329B>.

VISHWAKARMA, P. K.; VASUGI, C.; UMAMAHESWARI, R.; SRIRAM, S.; NANDEESHA, P.; SANKARAN, M.; SHIVASHANKARA, K. S. Screening of *Psidium* species and their interspecific hybrid progenies for resistance to *Fusarium oxysporum* f.

sp. psidii and southern root-knot nematode. **South African Journal of Botany**, v. 155, p. 249–260, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.02.027>.

WEI, Y. M.; MI, Z. F.; HUANG, Z. Climate policy modeling: An online SCI-E and SSCI based literature review. **Omega**, v. 57, p. 70–84, 2015. <https://doi.org/10.1016/J.OMEGA.2014.10.011>.

ZANDONÁ, G. P.; BAGATINI, L.; WOLOSZYN, N.; DE SOUZA CARDOSO, J.; HOFFMANN, J. F.; MORONI, L. S.; STEFANELLO, F. M.; JUNGES, A.; ROMBALDI, C. V. Extraction and characterization of phytochemical compounds from araçazeiro (*Psidium cattleianum*) leaf: Putative antioxidant and antimicrobial properties. **Food Research International**, v. 137, p. 109573, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.109573>.

ZHONG, S.; GENG, Y.; LIU, W.; GAO, C.; CHEN, W. A bibliometric review on natural resource accounting during 1995–2014. **Journal of Cleaner Production**, v. 139, p. 122–132, 2016. <https://doi.org/10.1016/J.JCLEPRO.2016.08.039>.

CAPÍTULO II

Divergência genética de acessos *Psidium cattleianum* Sabine com base em descritores morfológicos de frutos

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS PSIDIUM CATTLEIANUM SABINE COM BASE EM DESCRITORES MORFOLÓGICOS DE FRUTOS**. 2025. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior.

RESUMO

Considerando o potencial agroalimentar do *Psidium cattleianum* e a escassez de informações sobre sua estrutura genética, este estudo teve como objetivo avaliar a divergência genética a partir de caracteres físico-químicos e morfométricos de 16 acessos desta espécie. Para isso, foi avaliada uma coleção de germoplasma contendo a *P. cattleianum* do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA). Os frutos foram coletados e, posteriormente, caracterizados no Laboratório de Análise de Sementes Florestais (LASF) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). A caracterização do germoplasma incluiu a análise de características físico-químicas e morfométricas dos frutos. Posteriormente, realizou-se análises de correlação genética entre os caracteres, parâmetros genéticos, análise de componentes principais e o índice de seleção de Mulamba e Mock para os acessos. A análise de divergência genética permitiu a identificação de acessos potenciais de *P. cattleianum* para futuros programas de melhoramento, considerando a variabilidade genética a partir de características morfológicas dos frutos. Além disso, a seleção com base no índice Mulamba e Mock destacou indivíduos de alto desempenho, possibilitando a escolha com base em características para potenciais ganhos genotípicos. Isso demonstra a importância de uma abordagem abrangente na seleção de acessos para o melhoramento da espécie. s

Palavras-chave: Araçá, caracterização morfogenética; diversidade; banco de germoplasma

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **GENETIC DIVERGENCE OF *Psidium cattleianum* Sabine ACCESSIONS BASED ON FRUIT MORPHOLOGICAL DESCRIPTORS**. 2025. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisors: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior

ABSTRACT

Considering the agro-food potential of *Psidium cattleianum* and the limited information available on the genetic structure of the species, this study aims to evaluate genetic divergence using physicochemical and morphometric traits across 16 accessions of this species. For this purpose, a germplasm collection of *P. cattleianum* from the Agronomic Institute of Pernambuco (IPA) was assessed. Fruits were collected and sent to the Forest Seed Analysis Laboratory (LASF) at the Federal Rural University of Pernambuco (UFRPE) for characterization. The germplasm characterization included analyzing the fruits' physicochemical and morphometric characteristics. Subsequently, genetic correlation analyses among traits, genetic parameters, principal component analysis, and Mulamba and Mock selection index were applied to the accessions. The genetic divergence analysis identified valuable *P. cattleianum* accessions for future breeding programs, considering genetic variability based on fruit morphological traits. Furthermore, selection based on the Mulamba and Mock index highlighted high-performing individuals, allowing selection based on multiple traits for potential genotypic gains. This demonstrates the importance of a comprehensive approach in selecting accessions for species improvement.

Keywords: Morphogenetic characterization; diversity; germplasm bank

1. INTRODUÇÃO

Psidium cattleianum Sabine (Myrtaceae) é uma espécie de origem brasileira (Sobral et al. 2013), encontrada em diversas regiões tropicais e subtropicais do mundo, como Austrália, Ilhas do Caribe, Havaí e Uruguai (GALHO *et al.*, 2007; PATEL 2012; TNG *et al.*, 2016). Seus frutos maduros são consumidos tanto *in natura* quanto processados, sendo utilizados na produção de sucos, geleias e doces (LAZAROTTO *et al.*, 2022; ZANDONÁ *et al.*, 2020). Além disso, tanto as folhas quanto os frutos possuem propriedades farmacêuticas e nutricionais valiosas, devido à sua bioatividade, que inclui atividades antioxidantes, antimicrobianas, antiproliferativas e anti-hiperglicêmicas (LIMA *et al.*, 2020; MEDINA *et al.*, 2011; VINHOLES *et al.*, 2017).

Apesar dos benefícios oferecidos pela *P. cattleianum*, ainda há um conhecimento limitado sobre todo o seu potencial. A maior parte da literatura disponível está concentrada na importância socioeconômica da espécie (LAZAROTTO *et al.*, 2022; LIMA *et al.*, 2020; VINHOLES *et al.*, 2017; ZANDONÁ *et al.*, 2020), enquanto informações sobre suas estruturas fenotípicas e genéticas são pouco conhecidas.

A análise da diversidade genética no germoplasma disponível em nível morfológico e molecular é essencial para o progresso no melhoramento genético de qualquer espécie (ANDREW *et al.*, 2021; BAKIR *et al.*, 2022; KHADIVI *et al.*, 2020). Assim, é necessário o conhecimento sobre a base genética e o valor genético com vistas a identificar e direcionar acessos potenciais para sua utilização, seja como variedades em si ou como possíveis progenitores em programas de hibridação (SOOD *et al.*, 2023).

A caracterização dos acessos em bancos de germoplasma pode ser conduzida por meio da avaliação de características morfológicas da planta, tais como folhas, flores, frutos e sementes (GUAN *et al.*, 2020; JESUS *et al.*, 2022; VÁSQUEZ-GARCÍA *et al.*, 2022), sendo que as características relacionadas à qualidade e produtividade dos frutos são particularmente relevantes.

A análise dos frutos desempenha um papel importante na obtenção de informações sobre a diversidade genética dos acessos, não apenas em termos de características físicas, como cor, tamanho, forma e textura (ANDREW *et al.*, 2021; LI *et al.*, 2023; ZHANG *et al.*, 2022), mas também em relação à composição química dos frutos (FARIA *et al.*, 2021; ZERKANI *et al.*, 2022). Uma caracterização adequada desses recursos permite ao melhorista estabelecer estratégias de conservação (KYRIACOU *et al.*, 2020), explorar o potencial alimentício (NUNES *et al.*, 2021) e farmacológico (SUN *et al.*, 2018), selecionar genitores para hibridação (JENA *et al.*, 2021), bem como identificar as

características que contribuem significativamente para a diversidade total da coleção, utilizando técnicas estatísticas (MAULIÓN *et al.*, 2016).

Abordagens multivariadas têm sido utilizadas na avaliação da divergência genética e caracterização de germoplasmas do gênero *Psidium* (MISHRA *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2018; URQUÍA *et al.*, 2020; ZANDONÁ *et al.*, 2020) devido à capacidade de analisar uma ampla gama de dados, incluindo um número considerável de descritores a serem avaliados (KHADIVI-KHUB, ETEMADI-KHAH, 2015; MENDES *et al.*, 2019). Esses métodos também auxiliam na identificação e seleção de descritores que contribuem de forma mais significativa para a variação total dos dados, possibilitando a identificação de combinações híbridas que possam produzir efeitos heteróticos elevados nas gerações segregantes (BEGUM *et al.*, 2022; MACIT, 2021; SAHA, DAS, 2017).

Ao destacar as características dos frutos de acessos específicos, informações importantes são fornecidas para estudos futuros visando o melhoramento genético da espécie. Esses avanços permitirão um melhor aproveitamento do potencial da *P. cattleyanum* por meio de uma seleção criteriosa de indivíduos. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar a existência de diversidade genotípica em um banco de germoplasma de *P. cattleyanum*, a fim de selecionar acessos divergentes e superiores em relação a qualidade de frutos.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 Material vegetal e desenho experimental

Foi avaliada uma coleção de germoplasmas de *P. cattleyanum* situada Zona na Mata Pernambucana na Estação experimental de Itambé (7°23'43.8"S; 35°10'44.1"W). Essa coleção é de propriedade do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA (Figura 1) e foi estabelecida no ano de 2010. Os frutos foram coletados de acordo com a produção dos acessos em fornecimento de frutos e posteriormente foram encaminhados ao Laboratório de Análise de Sementes Florestais (LASF) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

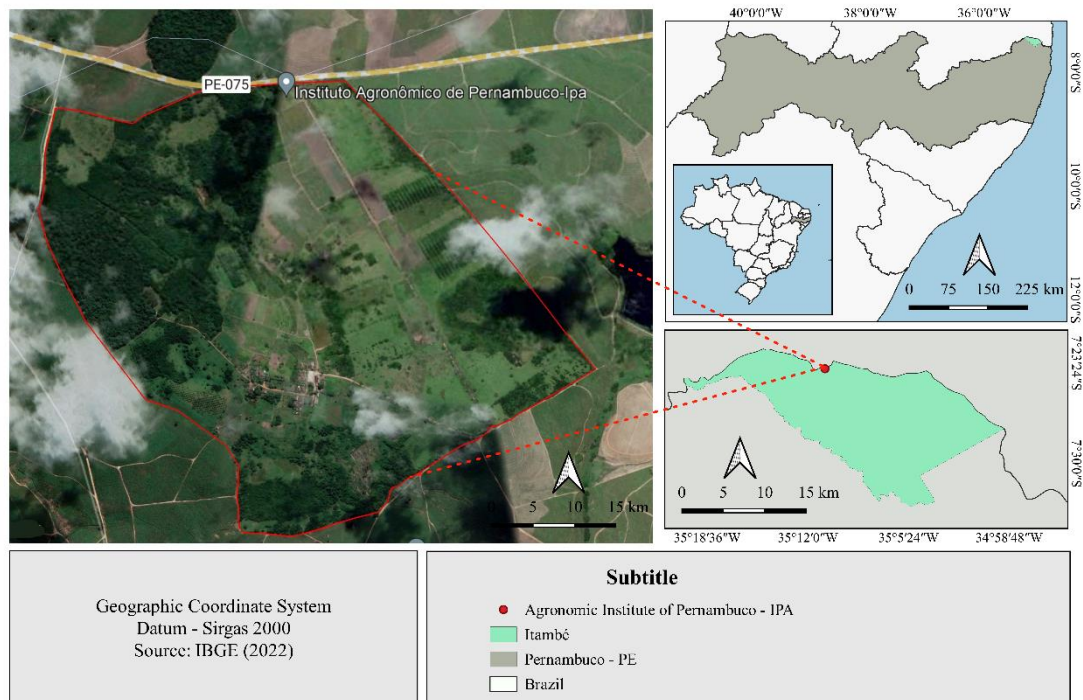


Figura 1. Localização do Banco de germoplasma ativo (BAG) de *Psidium cattleianum* Sabine no IPA Itambé, área da coleta de dados do estudo.

Fonte: Autor, 2024

2.3 Caracterização do germoplasma

O germoplasma de *P. cattleianum* foi caracterizado por descritores quantitativos relacionados aos frutos (Figura 2) e S1 (Material Suplementar).

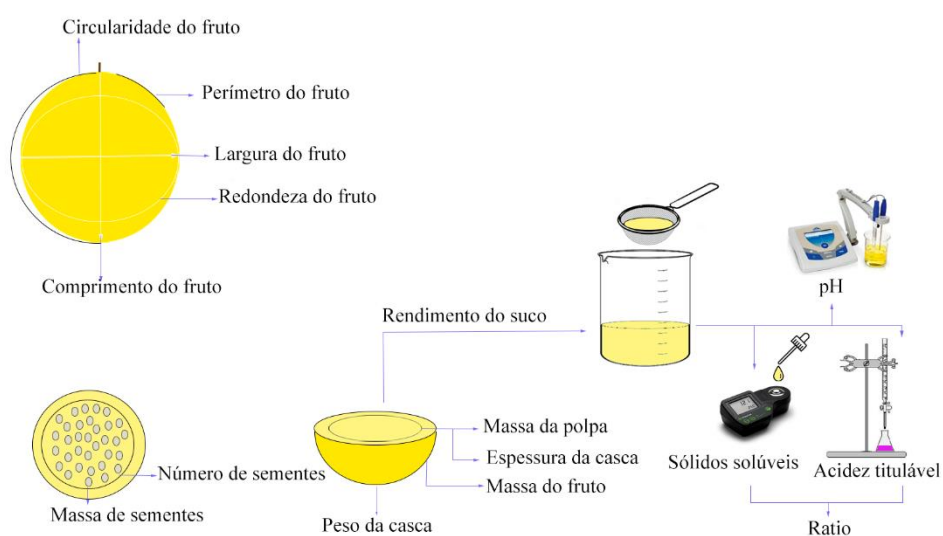


Figura 2. Caracterização dos acessos de *P. cattleyanum* por meio de descritores morfométricos e físico-químicos de frutos, presentes no banco do germoplasma do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, Itambé, Pernambuco.

Fonte: Autor, 2024

2.3.1 Caracteres morfométricos de frutos

As avaliações morfométricas de frutos foram realizadas por meio do programa ImageJ[®]. Um total de 25 frutos de cada acesso foram dispostas em folhas brancas e fotografadas com câmera de lente de 12 MP a uma distância de 30 cm dos frutos. Foi utilizado uma régua graduada em milímetros, conforme a metodologia adaptada proposta por Silva et al. (2013), sendo mantida a mesma condição para todas os frutos avaliados.

Foram analisadas as variáveis morfométricas dos frutos: área (mm²), perímetro (mm), circularidade (0,0-1,0), comprimento (mm), largura (mm), redondeza (0,0-1,0) e solidez (0,0-1,0) (Figura 2).

2.3.2. Parâmetros físicos

Para a caracterização física, foram avaliadas em balança analítica a massa total do fruto (g), massa da polpa (g) e massa das sementes (g); contagem manual do número de sementes por fruto; e espessura do fruto (mm).

2.3.3 Parâmetros químicos

O pH foi medido a partir do suco da fruta filtrado usando um medidor de pH (R-TEC-7/2-MP). O teor de Sólidos Solúveis (SS °Brix) foi medido com a utilização de um refratômetro digital (MA871). A acidez total titulável (AT) foi determinada conforme AOAC (2016), por titulação volumétrica com NaOH 0,01 N e fenolftaleína como indicador. O ratio foi calculado a partir da razão entre os sólidos solúveis totais e acidez titulável.

2.4 Análises de dados estatísticos

Para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância, foi utilizada a metodologia de modelos mistos, onde foi considerado o modelo em um delineamento inteiramente ao acaso, teste de acessos não aparentados, com uma planta por parcela, sendo:

$$y = Xr + Zg + e$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), em que $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. X e Z são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de r e g ao vetor y .

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} r \\ g \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2}{h_g^2},$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo de parcelas individuais;}$$

$$\sigma_g^2 = \text{variância genotípica;}$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual;}$$

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y]}{[N - r(x)]},$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}]}{q}; \text{ em que:}$$

C^{22} advém de:

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

C = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

$r(x)$ = posto da matriz X ;

N, q = número total de dados e número de acessos, respectivamente

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos são dados por $\mu + g$. Com os valores genotípicos, foi obtida a correlação genética de Pearson entre as variáveis analisadas e demais análises de divergência genética. Foi considerada como significativa a correlação genética de Pearson, com $p < 0,01$ e $p < 0,05$.

A significância dos efeitos aleatórios (g e p) foi obtida através da Análise de Deviance, por meio do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As deviances foram obtidas conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos. Foi subtraída a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito, e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade a 5 % de significância (3,84).

Para o estudo da divergência genética, os valores genotípicos ($\mu + g$) dos acessos para cada característica foram submetidos à análise de componentes principais (PCA). Essa análise foi conduzida para identificar as variáveis com maior contribuição no estudo da divergência genética entre os acessos, com base nos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2).

O índice de seleção dos acessos foi criado com os valores genotípicos das matrizes nas variáveis escolhidas para o ranking e processado no software Selegen REML/BLUP (RESENDE 2016). Foi realizado o índice de rank médio de Mulamba e Mock (1978) para os caracteres com acurácia genética (r_{gg}) maior que 0,80. A representação gráfica dos resultados foi realizada via software R (R Core Team 2022), usando os pacotes ggplot2 (Wickham 2016), corrplot (Wei and Simko 2017) e factoextra (Kassambara and Mundt 2020).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Correlação entre caracteres

Correlações significativas foram detectadas entre caracteres (Figura 3). A massa fresca dos frutos demonstrou uma correlação forte e positiva com massa da polpa, massa das sementes, número de sementes por fruto e massa da casca. Além disso, houve uma correlação positiva entre a massa dos frutos e os caracteres morfométricos (área, perímetro, largura e comprimento do fruto). Uma correlação positiva também foi observada entre os sólidos solúveis e a massa do fruto, da polpa e das sementes (Figura 3).

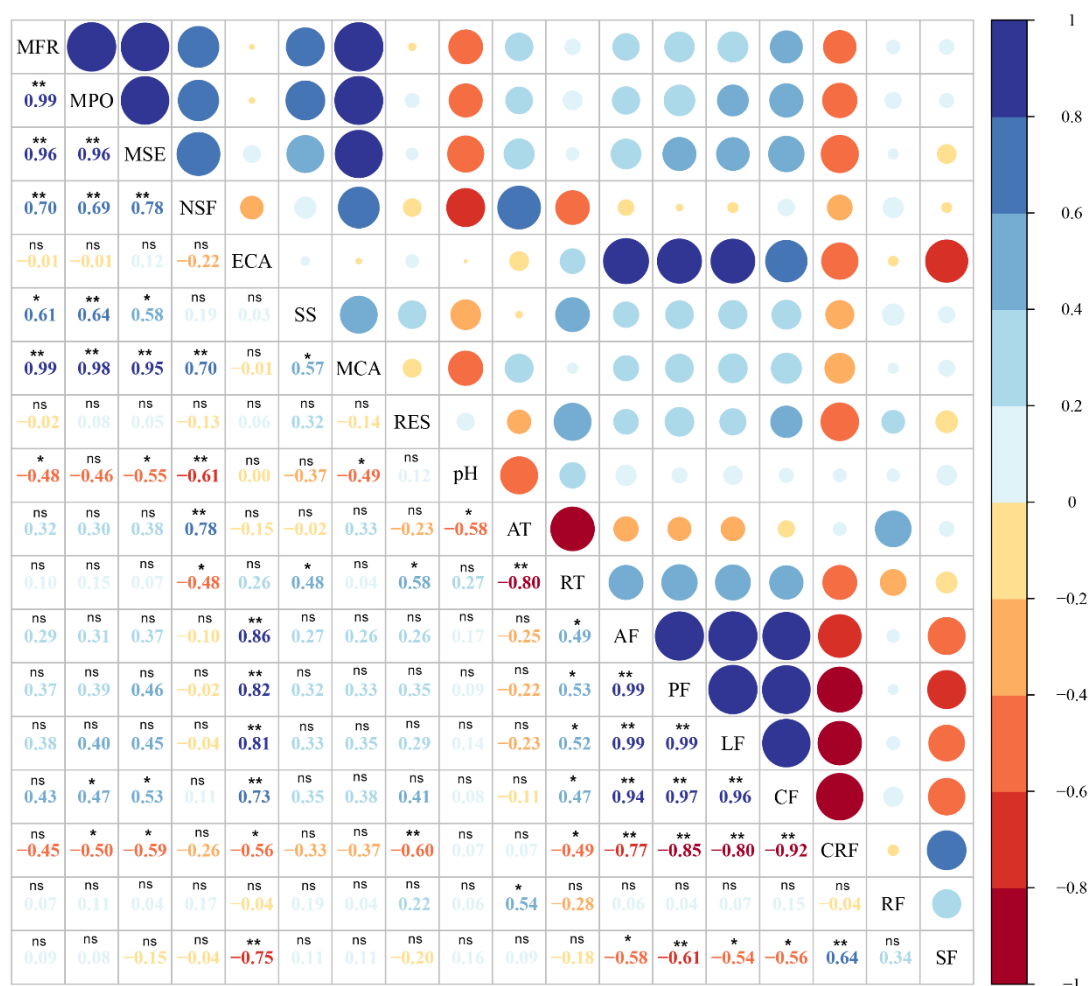


Figura 3. Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres fenotípicos de frutos de 16 acessos de *Psidium cattleianum* Sabine

Em que: **: Significativo $p < 0,01$; *: Significativo $p < 0,05$; ns: não significativo; Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Espessura da casca (ECA); Massa da casca (MCA); Rendimento da polpa (RES); Sólidos Solúveis (SS); Potencial hidrogeniônico (pH); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); Redondeza do Fruto (RF); Solidez do Fruto (SF); O tamanho do círculo e a coloração indicam a magnitude e a direção de cada correlação, respectivamente.

As seleções com base em algumas características podem ser difíceis e demoradas, especialmente para espécies perenes como a *P. cattleianum* (SHABANIMOFRAD *et al.*, 2013). Consequentemente, estudos de correlação direcionam as características mais adequadas a serem priorizadas em um futuro programa de melhoramento da espécie (ZANNAT *et al.*, 2023). O aumento na massa dos frutos exerceu influência positiva na massa da polpa, massa de sementes, número de semente e massa da casca de frutos. Este resultado demonstra uma clara ligação funcional ou associação entre essas características e sugere que frutos com maiores massa tendem a produzir maior quantidade de polpa,

bem como maior quantidade de sementes. Essas informações são muito importantes para o direcionamento dos programas de melhoramento.

A massa do fruto também foi positivamente correlacionada a caracteres morfométricos (área, perímetro, largura e comprimento do fruto). O aumento na massa está associado a um aumento na largura, comprimento, área e perímetro do fruto; o que facilitaria o melhoramento e a seleção, já que uma ação em uma característica tenderia a ter efeitos positivos em outras características associadas.

A avaliação física dos frutos é uma abordagem rotineiramente utilizada para caracterizar os acessos e avaliar a qualidade, maturidade e potencial de armazenamento dos frutos (JESUS *et al.*, 2022; MEGHA *et al.*, 2022). Essas características podem ser medidas e quantificadas para auxiliar no melhoramento genético e seleção de indivíduos. Entre elas, a matéria fresca (massa do fruto) é um dos principais critérios de classificação e seleção, pois representa uma característica de grande importância na atração dos consumidores para o mercado *in natura* (KHADIVI *et al.*, 2020; EZIN *et al.*, 2022).

Campos *et al.* (2013) verificaram elevada contribuição da massa e do comprimento dos frutos como os descritores que mais contribuíram para a seleção de acessos de *P. guajava*, o que não apenas reforça a importância dessas dimensões físicas como critérios de seleção essenciais, mas também destaca o potencial de aproveitar essas características na identificação de acessos com qualidades desejáveis.

3.2 Parâmetros genéticos

A avaliação e caracterização de bancos de germoplasma são ferramentas estratégicas de grande relevância para melhoristas e pesquisadores envolvidos no melhoramento das espécies. Dentre os diversos marcadores disponíveis, os caracteres morfológicos devem ser registrados para a seleção dos genitores e são a primeira escolha para descrever e classificar o germoplasma (NIETSCHE *et al.*, 2015; BALDUZZI *et al.*, 2017; VÁSQUEZ-GARCÍA *et al.*, 2022).

Neste estudo, 16 acessos de *P. cattleyanum* presentes no banco de germoplasma ativo do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA) foram caracterizados quanto aos atributos morfométricos e físico-químico de frutos com vistas a avaliar suas relações genéticas e identificar/selecionar acessos promissores para futuras aplicações.

A análise dos componentes de variância e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) demonstrou a existência de diferenças significativas entre os acessos para os caracteres avaliados, exceto para espessura de casca, massa da casca, potencial hidrogeniônico e redondeza de frutos (Tabela 1). As diferenças significativas detectadas pelo teste de LRT indicam variação genética entre os acessos e potencial aplicação no melhoramento genético por meio da seleção com base no desempenho para os parâmetros analisados.

Tabela 1. Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) para os 16 acesos de *P. cattleyanum*

C.V.	σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	h_g^2	h_{mc}^2	r_{gg}	$CV_{gi}(\%)$	$CV_e(\%)$	Média geral
MFR	69,55*	29,92	99,47	0,70± 0,12	0,98	0,99	43,17	28,31	19,32
MPO	18,81*	10,27	29,09	0,65± 0,11	0,98	0,99	45,49	33,61	9,54
MSE	0,05*	0,13	0,18	0,28± 0,07	0,91	0,95	21,79	35,06	1,03
NSF	129,94*	626,92	756,86	0,17± 0,06	0,84	0,92	14,72	32,34	77,43
ECA	0,56 ^{ns}	176,89	177,46	0,003± 0,01	0,07	0,27	23,52	417,00	3,19
MCA	15,02 ^{ns}	6,12	21,15	0,71± 0,12	0,98	0,99	44,29	28,28	8,75
RES	24,10*	39,35	63,46	0,38± 0,09	0,94	0,97	9,06	11,57	54,22
SS	0,53*	15,78	16,31	0,03± 0,03	0,46	0,68	6,59	35,96	11,04
pH	0,014 ^{ns}	0,006	0,02	0,70± 0,12	0,98	0,99	3,43	2,26	3,44
AT	0,007*	0,005	0,013	0,58± 0,11	0,97	0,99	7,62	6,50	1,12
RT	1,646*	1,052	2,70	0,61± 0,11	0,98	0,99	13,30	10,63	9,65
AF	23,45*	7,09	30,54	0,77± 0,12	0,99	0,99	43,51	23,93	11,13
PF	11,23*	4,49	15,728	0,71± 0,12	0,98	0,99	24,73	15,63	13,56
LF	0,66*	0,21	0,87	0,76± 0,12	0,99	0,99	21,71	12,24	3,74
CF	1,12*	0,18	1,303	0,86± 0,13	0,99	0,99	29,35	11,75	3,61
CRF	0,014*	0,009	0,023	0,59± 0,11	0,97	0,99	15,19	12,55	0,77
RF	0,000006 ^{ns}	0,00176	0,00177	0,0034± 0,1	0,08	0,28	0,27	4,61	0,91
SF	0,00005*	0,00030	0,00035	0,14± 0,05	0,80	0,89	0,72	1,78	0,97

C.V.: Componentes de variância; Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Espessura da casca (ECA); Índice de coloração (IC); Massa da casca (MCA); Rendimento da polpa (RES); Sólidos Solúveis (SS); Potencial hidrogeniônico (pH); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); Redondeza do Fruto (RF); Solidez do Fruto (SF); σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; h_{mc}^2 : herdabilidade da média de genótipo; r_{gg} : acurácia genética; $CV_{gi}(\%)$: coeficiente de variação genotípica; $CV_e(\%)$: coeficiente de variação residual; *Significativo a 5 % via teste LRT; ^{ns}Não significativo a 5% via teste LRT.

O conhecimento da variabilidade genética é fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento vegetal, pois permite identificar e selecionar indivíduos com características desejáveis. A presença e o entendimento dessa variabilidade constituem a base essencial para a prática da seleção (KAVINO *et al.*, 2023). Dispondo de variabilidade genética, os melhoristas podem ampliar as chances de sucesso para encontrar e incorporar características desejáveis e promover avanços na qualidade, produtividade e resistência das plantas. Essa abordagem estratégica é essencial para maximizar o potencial do melhoramento genético e atingir os objetivos estabelecidos (LARA-FIOREZE *et al.*, 2013).

As estimativas das variâncias genóticas (σ_g^2) foram altas para a maioria dos descritores avaliados, sugerindo que os fatores genéticos têm um papel predominante na variabilidade observada e que a maior parte da variância fenotípica (σ_f^2) é atribuída à variação genética. Assim, é possível obter ganhos significativos com a seleção dos genótipos, destacando o potencial do banco de germoplasma para programas de melhoramento. Descritores como massa das sementes, número de sementes por frutos, sólidos solúveis, redondeza e solidez do fruto, a estimativa da variância ambiental (σ_e^2) foi maior em comparação com a variância genética (Tabela 1), indicando uma influência mais expressiva dos fatores ambientais na manifestação dessas características.

A variação observada é potencializada pela hibridação natural entre os indivíduos do banco de germoplasma, o que contribui para o aumento da variabilidade genética dentro da espécie. Isso torna o banco de germoplasma uma importante fonte de diversidade genética para futuros programas de melhoramento e conservação (BEDDOWS, ROSE 2018). A variabilidade genética em bancos de germoplasma vem sendo objeto de estudo em diversas espécies (SÁ *et al.*, 2022; LI *et al.*, 2023; NAKINTU *et al.*, 2023).

O estudo conduzido por Campos *et al.* (2014) que investigou divergência genética em 138 acessos de goiabeira, provenientes do banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), revelou uma notável variabilidade genética entre os acessos estudados. Esta análise, com base em descritores morfológicos, agronômicos e físico-químicos, destacou a vasta diversidade genética existente entre os acessos avaliados.

Utilizando descritores morfológicos, Coser *et al.* (2014) verificaram um amplo espectro de diversidade entre genótipos de *P. guajava* estudados. Os autores constataram

que existe diversidade genética entre os genótipos de goiabeiras selecionadas de um pomar de origem seminal, comparando-os com as cultivares conhecidas Paluma, Pedro Sato, e o genótipo Roxa. Por meio da análise de características morfológicas e de qualidade dos frutos, os autores identificaram variação significativa entre os genótipos de goiabeira, o que sugere um potencial para o uso destes genótipos em programas de melhoramento genético, permitindo a seleção e o desenvolvimento de novas variedades.

Ao avaliar as características em frutos de *Capsicum chinense* (MOREIRA *et al.*, 2018) detectaram altos níveis de variabilidade genética entre os 65 acessos estudados. Em germoplasma de *Theobroma cacao* L., Vásquez-García *et al.* (2022) identificaram a formação de cinco grupos, aglomerados de acordo com suas características quantitativas e qualitativas, demonstrando assim a alta variabilidade genética e heterogeneidade entre os acessos.

A estimativa da herdabilidade é de grande importância nos estudos genéticos e indica com precisão o ganho hereditário esperado (VISSCHER *et al.*, 2008). De acordo com a classificação de Resende (2015), a herdabilidade é classificada em baixa ($0,01 \leq h^2_a \leq 0,15$), média ou moderada ($0,15 < h^2_a < 0,50$) e alta ($h^2_a \geq 0,50$).

Elevadas estimativas de herdabilidade em sentido amplo (h^2_g) foram obtidas para a massa dos frutos (0,70), massa da polpa (0,65), massa da casca (0,71), potencial hidrogeniônico (0,70), acidez total titulável (0,58), ratio (0,61), área do fruto (0,77), perímetro (0,71), largura (0,76), comprimento (0,86) e circularidade do fruto (0,59). Esses valores indicam que existe uma quantidade significativa de ação genética para essas características dentro da população, o que pode aumentar significativamente a eficiência da seleção. Características com alta herdabilidade são majoritariamente influenciadas por fatores genéticos, enquanto a variação fenotípica dessas características é pouco afetada pelo ambiente (DANBE *et al.*, 2019). Portanto, essas características podem ser selecionadas e melhoradas para aumentar a qualidade e produtividade de frutos do banco de germoplasma.

Em contrapartida, a baixa estimativa de herdabilidade encontrada para espessura da casca, sólidos solúveis, redondeza e circularidade de frutos (Tabela 1) reflete a alta influência de fatores ambientais em sua expressão, o que indica que a seleção com base nessas características pode não ser eficaz para obter ganhos genéticos significativos. Isso implica a necessidade de empregar outros métodos de melhoramento para seleção e predição, que sejam baseados nesses descritores (SANTOS *et al.*, 2011).

A qualidade da avaliação genotípica deve ser determinada por meio de precisão experimental (COSTA *et al.*, 2023). Os valores de acurácia genética (r_{gg}) foram considerados altos ($\geq 0,70$) para a maioria das características, de acordo com os critérios estabelecidos por Resende e Duarte (2007), exceto para espessura da casca, sólidos solúveis e redondeza de frutos, com valores de 0,27, 0,68 e 0,28, respectivamente (Tabela 1). Esses resultados indicam que há alto grau de certeza nas inferências e acurácia, com possíveis ganhos com a seleção para a maioria dos descritores avaliados. No entanto, baixos valores de acurácia observados para algumas variáveis podem dificultar a seleção dos acessos, uma vez que estas variáveis foram altamente influenciadas pelo ambiente.

3.3 Análise de componentes principais

A caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais abrange uma ampla gama de dados, o que inclui um número considerável de descritores a serem avaliados. As análises multivariadas são ferramentas importantes para determinar a diversidade genética, pois possibilitam selecionar indivíduos para programas de melhoramento, bem como identificar e classificar germoplasmas disponíveis a partir de características morfológicas e/ou moleculares (UYEDA *et al.*, 2015; MENDES *et al.*, 2019). Entre essas técnicas, as análises de componentes principais (PCA) são consideradas um dos métodos mais utilizados e práticos para investigar essa diversidade de espécies (MARTINS *et al.*, 2020; BASHYAL *et al.*, 2022).

A análise de componentes principais é uma técnica que permite reduzir a dimensão dos dados, agrupando as variáveis em um número menor de fatores principais (JOLLIFFE, CADIMA 2016). Esses fatores representam a maior variação dos dados e podem ser utilizados para a identificação da semelhança entre os germoplasmas analisados (ZHANG *et al.*, 2022).

A PCA foi realizada com o conjunto de descritores estudados, com vista a determinar com precisão as variáveis que apresentam maior contribuição para diversidade dos acessos. A análise de PCA resultou em dois componentes principais (Figura 4).

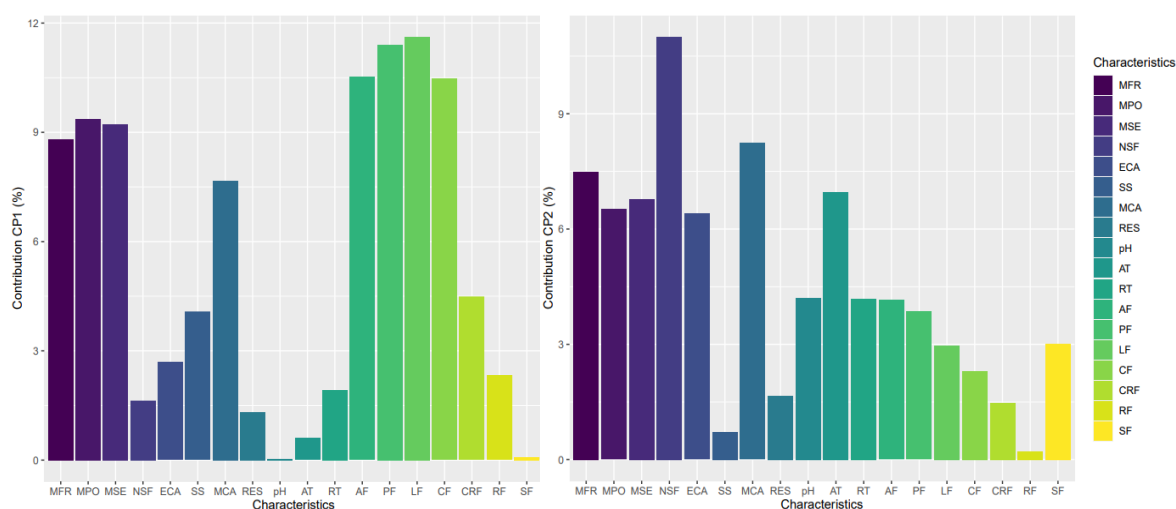


Figura 4. Contribuição relativa dos caracteres físico-químico e morfométricos dos frutos de 16 acessos de *P. cattleyanum* para os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2)

Em que: Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Espessura da casca (ECA); Índice de coloração (IC); Massa da casca (MCA); Rendimento da polpa (RES); Sólidos Solúveis (SS); Potencial hidrogeniônico (pH); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); Redondeza do Fruto (RF); Solidez do Fruto (SF);

O primeiro componente explicou 35,9% da variância e correlacionou-se fortemente com largura, perímetro, área e comprimento do fruto, massa da polpa, massa de sementes, massa do fruto e massa da casca. O segundo componente, explicou cerca de 21,7% da variância total dos dados, foi correlacionado principalmente com número de sementes por fruto, massa da casca, massa do fruto, acidez titulável, massa de sementes, massa da polpa e espessura da casca (Figura 4).

A contribuição relativa das características morfológicas demonstrou que a massa fresca dos frutos, massa da polpa, massa de sementes, massa da casca, área, perímetro, largura e circularidade dos frutos foram as características que mais contribuíram para verificar a divergência genética entre os acessos. Isso sugere uma maior variabilidade para essas características e uma maior contribuição para a discriminação genotípica.

Este resultado está relacionado com as estimativas de variância genotípica, uma vez que essas variáveis, também correspondem as características com maiores contribuições genéticas na sua expressão (Tabela 1). Assim, essas características podem ser utilizadas para seleção de acessos com vistas a aumentar variabilidade do banco de germoplasma, como também para caracterizar o germoplasma de *P. cattleyanum*.

A PCA separou os 16 acessos de *P. cattleyanum* em dois grupos distintos de acordo com suas características, indicando a presença de variabilidade entre os acessos no banco de germoplasma avaliado. A seleção de caracteres de interesse, como atributos físico-químicos e variáveis morfométricas de frutos, associados a dados de diversidade genética assumem elevada importância no auxílio de programas de melhoramento genético (SANTOS *et al.*, 2017).

O Grupo 1 aglomerou o maior número de acessos e apresentou maior proximidade com as seguintes variáveis: CRF (Circularidade do Fruto), SF (Solidez do Fruto), AT (Acidez total titulável), NSF (Número de sementes por frutos), MCA (Massa da casca), MFR (Massa dos frutos), MSE (Massa das sementes), MPO (Massa da polpa), SS (Sólidos Solúveis), e RF (Redondeza do Fruto). Enquanto o grupo 2 foi composto apenas pelos acessos A1.23, A1.34 e A1.40 e mostrou maior proximidade com as características de pH (Potencial hidrogeniônico), RES (Rendimento da polpa), RT (Ratio), ECA (Espessura da casca), CF (Comprimento do Fruto), LF (Largura do Fruto), PF (Perímetro do Fruto) e AF (Área do Fruto) (Figura 5).

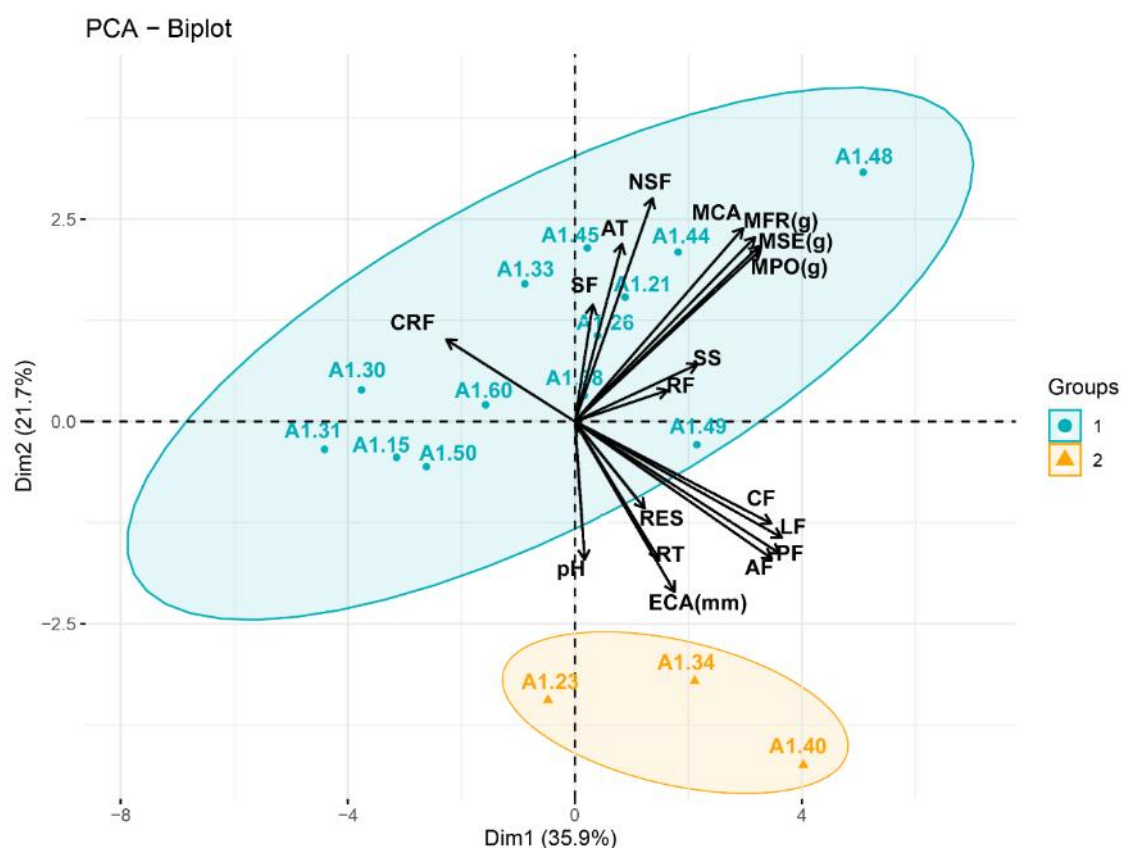


Figura 5. Bitplot dos 16 acessos de *P. cattleyanum*, com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação de caracteres físico-químicos e morfométricos de frutos.

Em que: Grupo1: A1.15; A1.21; A1.26; A1.3; A1.31; A1.33; A1.38; A1.44; A1.45; A1.48; A1.49; A1.50; A1.60; Grupo 2: A1.23; A1.34; A1.40. Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Espessura da casca (ECA); Índice de coloração (IC); Massa da casca (MCA); Rendimento da polpa (RES); Sólidos Solúveis (SS); Potencial hidrogeniônico (pH); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); Redondeza do Fruto (RF); Solidez do Fruto (SF);

Conforme demonstrado em outras abordagens em espécies do gênero *Psidium*, como a *P. guajava* (COSER *et al.*, 2014; BARUA *et al.*, 2022; GANGAPPA *et al.*, 2022), características morfológicas desempenham relevância para a identificação de genótipos e estudos de diversidade. Dentre essas características, os descritores de frutos destacam-se em função da sua direta relação com as qualidades comerciais e reprodutivas.

Características quantitativas como peso do fruto, diâmetro do fruto, comprimento do fruto, diâmetro da cavidade do fruto, peso da semente, espessura da polpa externa e número de sementes foram fundamentais na discriminação de 132 genótipos de *P. guajava*, resultando na formação de três grupos na análise de PCA (MEHMOOD *et al.*, 2014). Essas características têm se mostrado úteis para identificação de genótipos em populações de *P. guajava* e outras frutas, evidenciando que as características estudadas têm potencial interesse econômico, especialmente relacionadas à produção e qualidade dos frutos.

No que diz respeito à seleção de caracteres de interesse, a análise sugere que esses caracteres devem ser selecionados levando em consideração a natureza dos grupos identificados. Por exemplo, o Grupo 1 está associado a características relacionadas à textura, acidez, tamanho e forma dos frutos. Portanto, se o objetivo do programa de melhoramento for produzir frutos com determinadas características sensoriais, como textura e sabor, os acessos desse grupo podem ser direcionados para seleção e cruzamento. O Grupo 2 apresenta uma maior relação com características como pH, rendimento da polpa e dimensões morfométricas dos frutos. Se o foco do programa de melhoramento for a otimização do rendimento da polpa ou a padronização de forma dos frutos, os acessos desse grupo podem ser mais apropriados para esses objetivos específicos.

A distribuição desses grupos distintos representa informação de grande valia na seleção dos acessos dentro de um programa de melhoramento, tendo em vista que as

combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser embasadas na magnitude de suas dissimilaridades, o que depende principalmente da disponibilidade de uma ampla base genética (KANDEL *et al.*, 2018). Com isso, a seleção de acessos com base nos diferentes grupos, poderá proporcionar uma maior variabilidade genotípica na população de seleção, resultando assim em uma elevada probabilidade de selecionar indivíduos com características de interesse, como melhorar a textura, sabor, tamanho ou outras características desejáveis dos frutos.

3.4 Índice de Mulamba e mock

A utilização de índices de seleção são metodologias eficientes a serem utilizadas em estudo genéticos, pois possibilitam a avaliação de múltiplas características simultaneamente, maximizando assim as chances de sucesso em programas de melhoramento (CRUZ *et al.*, 2012).

O índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978) e adotado nesse estudo tem como objetivo classificar os genótipos em relação a múltiplas características. Para isso, os genótipos são ordenados de acordo com seu desempenho médio em cada característica. Em seguida, as ordens de classificação de cada genótipo em relação a cada característica são somadas, resultando no índice de seleção. Este índice permite a identificação dos materiais que apresentam menores pontuações no somatório das ordens, indicando que são os mais promissores para o melhoramento genético (CRUZ *et al.*, 2012).

O ranking com os acessos selecionados pelo Índice de rank médio de Mulamba e Mock para as características avaliadas, considerando os caracteres de massa dos frutos, massa da polpa, massa das sementes, número de sementes por frutos, rendimento da polpa, acidez titulável, ratio, área, perímetro, largura, comprimento e circularidade do fruto, são apresentados na tabela 2. Entre os acessos, o A1.30, A1.40, A1.48, A1.44 e o A1.21 foram os melhores classificados.

Tabela 2. Ordenamento para os 16 acessos de *P. cattleyanum* aplicado aos caracteres: Massa dos frutos (MFR); Massa da polpa (MPO); Massa das sementes (MSE); Número de sementes por frutos (NSF); Rendimento da polpa (RES); Acidez total titulável (AT); Ratio (RT); Área do Fruto (AF); Perímetro do Fruto (PF); Largura do Fruto (LF); Comprimento do Fruto (CF); Circularidade do Fruto (CRF); pelo índice de ranking médio

Acesso	MFR	MPO	MSE	NSF	RES	AT	RT	AF	PF	LF	CF	CRF	Índice de	
													Mulamba e Mock	Ranking
A1.34	10	8	6	6	4	12	4	2	2	2	2	9	67	1
A1.40	8	9	8	5	10	6	7	1	1	1	1	14	71	2
A1.48	1	1	16	14	12	7	2	3	4	3	3	12	78	3
A1.44	2	2	14	12	3	5	15	5	5	5	5	7	80	4
A1.21	5	5	13	10	2	4	13	6	8	6	6	5	83	5
A1.38	6	6	9	7	7	11	3	7	9	8	8	4	85	6
A1.49	4	3	15	9	6	15	5	4	3	4	4	16	88	7
A1.26	7	7	12	13	5	2	8	8	7	7	7	11	94	8
A1.23	15	11	3	2	1	14	1	9	6	9	9	15	95	9
A.145	3	4	11	11	8	3	14	10	12	10	11	8	105	10
A1.50	12	13	1	1	16	13	10	13	13	13	13	2	120	11
A1.33	9	10	7	16	11	1	16	12	11	12	12	10	127	12
A.130	14	15	4	4	14	9	9	14	14	14	16	1	128	13
A.160	11	12	10	15	9	8	12	11	10	11	10	13	132	14
A1.15	13	14	5	3	15	16	6	15	15	15	14	3	134	15
A1.31	16	16	2	8	13	10	11	16	16	16	15	6	145	16

O índice de Mulamba e Mock tem se destacado no melhoramento genético de diversas espécies. A aplicação do índice de seleção simultânea proporcionou altos ganhos de seleção tanto para produtividade quanto para teor de sólidos solúveis em frutos *Lycopersicon esculentum* Mill. (SÁNCHEZ *et al.*, 2020). Orellana *et al.* (2021) aplicaram o índice para classificar progênies de *Physalis ixocarpa* Brot. com o objetivo de aumentar a produtividade. Os autores concluíram que o índice de seleção simultânea de múltiplas características com base no índice de Mulamba e Mock pode ser recomendada, pois mantém variabilidade genética na população.

Nogueira *et al.* (2022) utilizaram o índice para auxiliar na seleção de em progênies de meio-irmãos de *Annona squamosa* L. Neste caso, a seleção simultânea por meio do índice de Mulamba e Mock proporcionou maiores ganhos de seleção para características de baixa herdabilidade, como produtividade total e número de frutos.

No estudo, a utilização do índice de seleção de Mulamba e Mock permitiu ordenar os acessos considerando multiplicas características, contribuindo para identificação dos melhores acessos. A identificação dos acessos A1.30, A1.40, A1.48, A1.44 e A1.21 como os mais bem classificados sugere que esses indivíduos apresentaram um desempenho superior relação às características analisadas em comparação com os outros indivíduos avaliados. Isso pode indicar que esses acessos possuem características desejáveis, como maior rendimento de polpa, massa de frutos mais adequada para fins comerciais, equilíbrio entre acidez e doçura e uma forma de fruto que atenda os padrões exigido pelo mercado.

A qualidade externa e interna dos frutos é fundamental na apreciação e aceitação pelos consumidores, principalmente em função da alta concorrência nos mercados com presença de novas frutas, cultivares e alimentos (RUIZ, EGEA 2008; MANCINI *et al.*, 2020). Os objetivos no melhoramento enfatizam principalmente a melhoria na qualidade da aparência dos frutos, como peso e formato; qualidade interna da fruta, como textura, teor de sólidos solúveis, sabor e qualidade adstringente, além do aumento da produtividade (GUAN *et al.*, 2020).

Em termo de consumo como tipo de fruto, a *P. cattleyanum* é normalmente consumida “*in natura*”, no entanto o fruto também pode ser processado e utilizado na confecção sucos, geleias, doces e sorvetes (ZANDONÁ *et al.*, 2020; LAZAROTTO *et al.*, 2022). Para além de suas características sensoriais e do alto potencial produtivo, fornecendo cerca de 10 ton/ha (FRAZON *et al.*, 2009), a *P. cattleyanum* apresenta uma composição rica em compostos bioativos, o que lhe confere elevado potencial

antioxidante, propriedades antimicrobianas, antiproliferativo e antihiperglicêmicos (MEDINA *et al.*, 2011; VINHOLES *et al.*, 2017; LIMA *et al.*, 2020).

Nesse sentido, acessos de *P. cattleyanum* devem ser caracterizados por meio de características qualidade de frutos, de modo a não só atenderem à demanda dos consumidores, mas também a explorarem o seu potencial terapêutico e nutricional, agregando valor à sua produção e promovendo seu consumo.

5. CONCLUSÕES

Existe divergência genética entre os acessos avaliados a partir dos caracteres físico-químicos e morfométricos de frutos, havendo possibilidade de ganhos genotípicos com a seleção.

Na análise de componentes principais, os 16 acessos estudados foram agrupados em dois grupos, permitindo a identificação dos grupos mais promissores em termos de características sensoriais, como textura e sabor, otimização do rendimento da polpa e a padronização de forma dos frutos, abordagem que pode direcionar o uso do germoplasma em programas de melhoramento que visam melhorar a qualidade de frutos.

A seleção dos acessos pelo índice Mulamba e Mock possibilitou a identificação dos indivíduos A1.30, A1.40, A1.48, A1.44 e A1.21 como os que apresentaram melhor desempenho para o conjunto de variáveis estudadas, simultaneamente. Assim, é possível realizar a seleção com base nessas características, levando em consideração a acurácia seletiva para avaliação com base em um único caractere, ou, aplicado índice rank médio para avaliação com base em vários caracteres.

6. REFERÊNCIAS

- BALDUZZI, M.; BINDER, B. M.; BUCKSCH, A.; CHANG, C.; HONG, L.; IYER-PASCUZZI, A. S.; PRADAL, C.; SPARKS, E. E. Reshaping plant biology: Qualitative and quantitative descriptors for plant morphology. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 226622, 2017. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2017.00117/BIBTEX>.
- BARUA, H.; SAHA, S. R.; IVY, N. A.; RASUL, G.; ISLAM, A. A. Genetic divergence of guava (*Psidium guajava* L.) genotypes in Bangladesh. **SAARC Journal of Agriculture**, v. 20, n. 1, p. 15–28, 2022. <https://doi.org/10.3329/sja.v20i1.60618>
- BASHYAL, S.; UPADHYAY, A.; AYER, D. K.; DHAKAL, P.; G.C., B.; SHRESTHA, J. Multivariate analysis of grain amaranth (*Amaranthus* spp.) accessions to quantify phenotypic diversity. **Heliyon**, v. 8, n. 11, p. e11613, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2022.E11613>.

- BEDDOWS, I.; ROSE, L. E. Factors determining hybridization rate in plants: A case study in Michigan. **Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics**, v. 34, p. 51–60, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.PPEES.2018.07.003>.
- COSER, S. M.; FERREIRA, M. F. da S.; FERREIRA, A.; SARAIVA, S. H. Diversidade genética de seleções de goiabeiras Cortibel. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 36, n. 2, p. 391–399, 2014. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-085/13>.
- COSTA, C. dos S. R.; LIMA, M. A. C. de; LIMA NETO, F. P.; COSTA, A. E. da S.; VILVERT, J. C.; MARTINS, L. S. S.; MUSSER, R. dos S. Genetic parameters and selection of mango genotypes using the FAI-BLUP multitrait index. **Scientia Horticulturae**, v. 317, p. 112049, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.112049>.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012.
- DANBE, N.; YAKOUBA, O.; SOBDA, G.; BASGA, S. D.; LENDZEMO, V.; KAOUVON, P.; DICKMI, V. C.; SUH, C.; DJONNEWA, A.; YOURI, A.; KABOUI, A. Caractérisation de la diversité phénotypique et génotypique du Sorgho pluvial dans la zone soudano sahélienne du Cameroun. **Journal of Applied Biosciences**, v. 129, n. 1, p. 12973, 2019. <https://doi.org/10.4314/jab.v129i1.1>
- EZIN, V.; GBEMENOU, U. H.; AHANCHEDE, A. Characterization of cultivated pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne) landraces for genotypic variance, heritability and agro-morphological traits. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 29, n. 5, p. 3661–3674, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SJBS.2022.02.057>.
- FRAZON, R. C.; CAMPOS, L. Z. de O.; PROENÇA, C. E. B.; SOUSA-SILVA, J. C. **Araças do Gênero Psidium: principais espécies, ocorrência, descrição e usos**. Planaltina, DF: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Embrapa Cerrados Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2009.
- GALHO, A. S.; LOPES, N. F.; BACARIN, M. A.; LIMA, M. D. G. D. S. Chemical composition and growth respiration in *Psidium cattleianum* sabine fruits during the development cycle. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 1, p. 61–66, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100014>.
- GANGAPPA, N. D.; SINGH, C.; VERMA, M. K.; THAKRE, M.; SEVANTHI, A. M.; SINGH, R.; SRIVASTAV, M.; RAGHUNANDAN, K.; ANUSHA, C.; YADAV, V.; NAGARAJA, A. Assessing the genetic diversity of guava germplasm characterized by morpho-biochemical traits. **Frontiers in Nutrition**, v. 9, p. 1017680, 2022. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.1017680>.
- GUAN, C.; ZHANG, Y.; ZHANG, P.; CHACHAR, S.; WANG, R.; DU, X.; YANG, Y. Germplasm conservation, molecular identity and morphological characterization of persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) in the NFGP of China. **Scientia Horticulturae**, v. 272, p. 109490, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2020.109490>.
- JESUS, O. N. de; LIMA, L. K. S.; SOARES, T. L.; SILVA, L. N. da; SANTOS, I. S. dos; SAMPAIO, S. R.; OLIVEIRA, E. J. de. Phenotypic diversity and alternative

methods for characterization and prediction of pulp yield in passion fruit (*Passiflora* spp.) germplasm. **Scientia Horticulturae**, v. 292, p. 110573, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.110573>.

JOLLIFFE, I. T.; CADIMA, J. Principal component analysis: a review and recent developments. **Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences**, v. 374, n. 2065, p. 20150202, 2016. <https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>.

KANDEL, M.; GHIMIRE, S. K.; OJHA, B. R.; SHRESTHA, J. Cluster analysis among the Maize Inbred lines (*Zea mays* L.) under Heat Stress Condition. **International Journal of Global Science Research**, v. 5, n. 1, 2018. <https://doi.org/10.26540/IJGSR.V5.I1.2018.95>.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. [*S. l.: s. n.*] Disponível em: <https://cran.r-project.org/package=factoextra>

KAVINO, M.; SANJANA, U.; AUXCILIA, J.; RAVEENDRAN, M. Evaluation and selection in half-sib progenies of *Psidium guajava* aiming to identify pink pulp with soft seed progeny. **Scientia Horticulturae**, v. 315, p. 111972, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.111972>.

KHADIVI, A.; MIRHEIDARI, F.; MORADI, Y.; PARYAN, S. Morphological variability of wild pomegranate (*Punica granatum* L.) accessions from natural habitats in the Northern parts of Iran. **Scientia Horticulturae**, v. 264, p. 109165, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2019.109165>.

LARA-FIOREZE, A. C. C.; TOMAZ, C. A.; FIOREZE, S. L.; PILON, C.; ZANOTTO, M. D. Genetic diversity among progenies of *Crambe abyssinica* Hochst for seed traits. **Industrial Crops and Products**, v. 50, p. 771–775, 2013. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2013.07.039>.

LAZAROTTO, J. S.; DA BOIT MARTINELLO, K.; GEORGIN, J.; FRANCO, D. S. P.; NETTO, M. S.; PICCILLI, D. G. A.; SILVA, L. F. O.; LIMA, E. C.; DOTTO, G. L. Application of araçá fruit husks (*Psidium cattleianum*) in the preparation of activated carbon with FeCl₃ for atrazine herbicide adsorption. **Chemical Engineering Research and Design**, v. 180, p. 67–78, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.CHERD.2022.01.044>.

LI, Y.; ZHANG, P.; CHACHAR, S.; XU, J.; YANG, Y.; GUAN, C. A comprehensive evaluation of genetic diversity in persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) germplasms based on large-scale morphological traits and SSR markers. **Scientia Horticulturae**, v. 313, p. 111866, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.111866>.

LIMA, A. S.; MAIA, D. V.; HAUBERT, L.; OLIVEIRA, T. L.; FIORENTINI, Â. M.; ROMBALDI, C. V.; SILVA, W. P. da. Action mechanism of araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) hydroalcoholic extract against *Staphylococcus aureus*. **LWT**, v. 119, p. 108884, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2019.108884>.

MANCINI, M.; MAZZONI, L.; GAGLIARDI, F.; BALDUCCI, F.; DUCA, D.; TOSCANO, G.; MEZZETTI, B.; CAPOCASA, F. Application of the Non-Destructive

NIR Technique for the Evaluation of Strawberry Fruits Quality Parameters. **Foods**, v. 9, n. 4, p. 441, 2020. <https://doi.org/10.3390/FOODS9040441>.

MARTINS, Z. E.; MACHADO, J. C.; CUNHA, S. C.; BARATA, A. M.; FERREIRA, I. M. P. L. V. O. A chemometric approach to compare Portuguese native hops with worldwide commercial varieties. **Journal of Chemometrics**, v. 34, n. 9, p. e3285, 2020. <https://doi.org/10.1002/CEM.3285>.

MEDINA, A. L.; HAAS, L. I. R.; CHAVES, F. C.; SALVADOR, M.; ZAMBIASI, R. C.; DA SILVA, W. P.; NORA, L.; ROMBALDI, C. V. Araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) fruit extracts with antioxidant and antimicrobial activities and antiproliferative effect on human cancer cells. **Food Chemistry**, v. 128, n. 4, p. 916–922, 2011. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2011.03.119>.

MEGHA, R.; SINGH, S. K.; SRIVASTAV, M.; PRAKASH, J. A. I.; SAHA, S.; PRADHAN, S. Physico-chemical characterization and biochemical profiling of mango genotypes during different fruit development stages. **South African Journal of Botany**, v. 149, p. 476–486, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.06.023>.

MEHMOOD, A.; JASKANI, M. J.; KHAN, I. A.; AHMAD, S.; AHMAD, R.; LUO, S.; AHMAD, N. M. Genetic diversity of Pakistani guava (*Psidium guajava* L.) germplasm and its implications for conservation and breeding. **Scientia Horticulturae**, v. 172, p. 221–232, 2014. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2014.04.005>.

MENDES, G. G. C.; GUSMÃO, M. T. A. de; MARTINS, T. G. V.; ROSADO, R. D. S.; SOBRINHO, R. S. A.; NUNES, A. C. P.; RIBEIRO, W. S.; ZANUNCIO, J. C. Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–9, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41507-4>.

MOREIRA, A. F. P.; RUAS, P. M.; RUAS, C. de F.; BABA, V. Y.; GIORDANI, W.; ARRUDA, I. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic diversity, population structure and genetic parameters of fruit traits in *Capsicum chinense*. **Scientia Horticulturae**, v. 236, p. 1–9, 2018. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2018.03.012>.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. Improvement of yield potential of the ETO blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits [Mexico]. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40–51, 1978.

NAKINTU, J.; ANDAMA, M.; ALBRECHT, C.; WANGALWA, R.; LEJJU, J. B.; OLET, E. A. Morphological traits of jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.): Indicators of diversity, selection and germplasm dispersion in Uganda. **Scientific African**, v. 22, p. e01900, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.sciaf.2023.e01900>

NIETSCHKE, S.; VENDRAME, W. A.; CRANE, J. H.; PEREIRA, M. C. T.; COSTA, A.; REIS, S. T. Variability in reproductive traits in *Jatropha curcas* L. accessions during early developmental stages under warm subtropical conditions. **GCB Bioenergy**, v. 7, n. 1, p. 122–134, 2015. <https://doi.org/10.1111/GCBB.12113>.

NOGUEIRA, B. B. A. P.; MENDES, D. S.; MENDES, R. B.; PIMENTA, S.; PEREIRA, M. C. T.; AZEVEDO, A. M.; NIETSCHKE, S. Selection in half-sib progenies of *Annona squamosa* L.: An important step in the development of new cultivars. **Scientia Horticulturae**, v. 302, p. 111173, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2022.111173>.

ORELLANA, J. S. T.; FARIAS, J. W. de S.; SILVA, L. C. C.; PASSOS, A. R. Evaluation and selection in half-sib progenies of *Physalis ixocarpa* Brot. aiming to increase productivity. **Scientia Horticulturae**, v. 290, p. 110531, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.110531>.

PATEL, S. Exotic tropical plant *Psidium cattleianum*: A review on prospects and threats. **Reviews in Environmental Science and Biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 243–248, 2012. <https://doi.org/10.1007/S11157-012-9269-8/TABLES/1>.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. [S. l.]: R Foundation for Statistical Computing, 2022. Disponível em: <https://www.r-project.org/>

RESENDE, M. D. V. de. **Genética Quantitativa e de Populações**. 1. ed. Viçosa: Suprema, 2015.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software SENElegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.

RUIZ, D.; EGEA, J. Phenotypic diversity and relationships of fruit quality traits in apricot (*Prunus armeniaca* L.) germplasm. **Euphytica**, v. 163, n. 1, p. 143–158, 2008. <https://doi.org/10.1007/S10681-007-9640-Y/TABLES/7>.

SÁ, G. H.; LIMA, F. C. D.; VIANA, J. P. G.; LOPES, Â. C. A.; CARVALHO, L. C. B.; VALENTE, S. E. S.; LIMA, P. S. C. Genetic diversity and structure of an active germplasm collection of *Annona squamosa* L. **Ecological Genetics and Genomics**, v. 25, p. 100143, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.EGG.2022.100143>.

SÁNCHEZ, F. B.; RIBEIRO, L. P.; COTRIM, M. F.; SILVA JUNIOR, C. A.; BHERING, L. L.; TEODORO, P. E. Genetic Gains With Selection for Yield and Soluble Solids Content in Cherry Tomato Hybrids. **HortScience**, v. 55, n. 4, p. 400–402, 2020. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI14415-19>

SANTOS, E. A.; SOUZA, M. M.; VIANA, A. P.; ALMEIDA, A. A. F.; FREITAS, J. C. O.; LAWINSCKY, P. R. Multivariate analysis of morphological characteristics of two species of passion flower with ornamental potential and of hybrids between them. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 4, p. 2457–2471, 2011. <https://doi.org/10.4238/2011.October.13.3>.

- SANTOS, P. S.; SANTOS FREITAS, L.; SANTANA, J. G. S.; MUNIZ, E. N.; RABBANI, A. R. C.; SILVA, A. V. C. Genetic diversity and the quality of Mangabeira tree fruits (*Hancornia speciosa* Gomes – Apocynaceae), a native species from Brazil. **Scientia Horticulturae**, v. 226, p. 372–378, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2017.09.008>.
- SHABANIMOFRAD, M.; RAFII, M. Y.; MEGAT WAHAB, P. E.; BIABANI, A. R.; LATIF, M. A. Phenotypic, genotypic and genetic divergence found in 48 newly collected Malaysian accessions of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, v. 42, n. 1, p. 543–551, 2013. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2012.06.023>.
- SOBRAL, M.; PROENÇA, C.; SOUZA, M.; MAZINE, F.; LUCAS, E. Myrtaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil. [s. l.], 2013. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/FichaPublicaTaxonUC/FichaPublicaTaxonUC.do?id=FB10858>. Acesso em: 25 jan. 2023.
- SOOD, T.; SOOD, S.; SOOD, V. K.; BADIYAL, A.; ANURADHA; KAPOOR, S.; SOOD, V.; KUMAR, N. Characterisation of bell pepper (*Capsicum annuum* L. var. grossum Sendt.) accessions for genetic diversity and population structure based on agro-morphological and microsatellite markers. **Scientia Horticulturae**, v. 321, p. 112308, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.112308>.
- TNG, D. Y. P.; GOOSEM, M. W.; PAZ, C. P.; PREECE, N. D.; GOOSEM, S.; FENSHAM, R. J.; LAURANCE, S. G. W. Characteristics of the *Psidium cattleianum* invasion of secondary rainforests. **Austral Ecology**, v. 41, n. 4, p. 344–354, 2016. <https://doi.org/10.1111/AEC.12319>.
- UYEDA, J. C.; CAETANO, D. S.; PENNELL, M. W. Comparative Analysis of Principal Components Can be Misleading. **Systematic Biology**, v. 64, n. 4, p. 677–689, 2015. <https://doi.org/10.1093/SYSBIO/SYV019>.
- VÁSQUEZ-GARCÍA, J.; SANTOS-PELAEZ, J. C.; MALQUI-RAMOS, R.; VIGO, C. N.; ALVARADO C., W.; BOBADILLA, L. G. Agromorphological characterization of cacao (*Theobroma cacao* L.) accessions from the germplasm bank of the National Institute of Agrarian Innovation, Peru. **Heliyon**, v. 8, n. 10, p. e10888, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2022.E10888>.
- VINHOLES, J.; LEMOS, G.; LIA BARBIERI, R.; FRANZON, R. C.; VIZZOTTO, M. In vitro assessment of the antihyperglycemic and antioxidant properties of araçá, butiá and pitanga. **Food Bioscience**, v. 19, p. 92–100, 2017. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2017.06.005>.
- VISSCHER, P. M.; HILL, W. G.; WRAY, N. R. Heritability in the genomics era — concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics**, v. 9, n. 4, p. 255–266, 2008. <https://doi.org/10.1038/nrg2322>.
- WEI, T.; SIMKO, V. R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix. [S. l.: s. n.] Disponível em: <https://github.com/taiyun/corrplot>
- WICKHAM, H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. New York: Springer-Verlag, 2016.

ZANDONÁ, G. P.; BAGATINI, L.; WOLOSZYN, N.; DE SOUZA CARDOSO, J.; HOFFMANN, J. F.; MORONI, L. S.; STEFANELLO, F. M.; JUNGES, A.; ROMBALDI, C. V. Extraction and characterization of phytochemical compounds from araçazeiro (*Psidium cattleianum*) leaf: Putative antioxidant and antimicrobial properties. **Food Research International**, v. 137, p. 109573, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2020.109573>.

ZANNAT, A.; HUSSAIN, M. A.; MD ABDULLAH, A. H.; HOSSAIN, M. I.; SAIFULLAH, M.; SAFHI, F. A.; ALSHALLASH, K. S.; MANSOUR, E.; ELSAYED, A. I.; HOSSAIN, M. S. Exploring genotypic variability and interrelationships among growth, yield, and quality characteristics in diverse tomato genotypes. **Heliyon**, v. 9, n. 8, p. e18958, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.HELİYON.2023.E18958>.

ZHANG, Y.; CAO, Y. fen; HUO, H. liang; XU, J. yu; TIAN, L. ming; DONG, X. guang; QI, D.; LIU, C. An assessment of the genetic diversity of pear (*Pyrus L.*) germplasm resources based on the fruit phenotypic traits. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 8, p. 2275–2290, 2022. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(21\)63885-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(21)63885-6).

CAPÍTULO III

Avaliação da diversidade genética da coleção de germoplasma de *Psidium cattleyanum* Sabine usando marcadores de repetição de sequência simples (SSR)

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Psidium cattleyanum* Sabine USANDO MARCADORES DE REPETIÇÃO DE SEQUÊNCIA SIMPLES (SSR).** 2025. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Marccone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior.

RESUMO

A *P. cattleyanum* destaca-se por seu valor econômico e ecológico, no entanto sua exploração é limitada pela falta de informações genéticas e estratégias de conservação. A caracterização morfológica, embora útil, sofre influência ambiental, tornando marcadores moleculares (SSR) ferramentas mais precisas para avaliar a variabilidade genética. Assim, este estudo objetivou analisar a diversidade genética de acessos de *P. cattleyanum* por meio de SSR, em um banco de germoplasma do Instituto Agronomico de Pernambuco (IPA). Foram selecionados dez pares de primers, utilizados na amplificação do DNA por PCR. Os produtos amplificados foram posteriormente verificados por eletroforese em gel de agarose. As bandas foram analisadas como marcadores dominantes, gerando uma matriz binária de presença e ausência. A diversidade genética foi estimada por meio do índice de Shannon, e a informatividade dos marcadores foi avaliada pelo conteúdo de polimorfismo (PIC) e pelo Índice de Marcadores (IM). As análises de agrupamento foram conduzidas pelos métodos UPGMA, Tocher e análise de componentes principais (PCA), com base na matriz de dissimilaridade de Jaccard. O índice de Shannon apresentou média de 0,59, indicando baixa diversidade genética entre os acessos. Por outro lado, os marcadores SSR demonstraram boa capacidade de discriminação, com média de PIC de 0,449, sendo dois deles altamente informativos ($PIC > 0,5$). As análises de agrupamento pelos métodos UPGMA e Tocher, bem como a análise de componentes principais (PCA), revelaram a existência de diversidade genética entre os acessos, com destaque para os indivíduos A1.21 e A1.48 como os mais divergentes. Apesar da baixa diversidade observada foi possível verificar diferenças entre os acessos. Os resultados destacam a importância da ampliação da base genética do banco de germoplasma, por meio da inclusão de novos acessos e da utilização de um maior número de marcadores, a fim de apoiar estratégias de conservação e programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Araçá; caracterização de germoplasma; marcadores genéticos; microsatélites

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **EVALUATION OF THE GENETIC DIVERSITY IN THE *Psidium cattleianum* Sabine GERMPLASM COLLECTION USING SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) MARKERS**. 2025. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisors: Marcone Moreira Santos; José Severino Lira Júnior.

ABSTRACT

Psidium cattleianum stands out for its economic and ecological value, but its commercial use is limited due to the lack of genetic information and conservation strategies. Although morphological characterization is useful, it is influenced by environmental factors, making molecular markers (SSR) more precise tools for assessing genetic variability. Thus, this study aimed to analyze the genetic diversity of *P. cattleianum* accessions using SSR markers in the germplasm bank of the Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA). Ten primer pairs were selected and used for PCR amplification, with amplicons verified by agarose gel electrophoresis. The resulting bands were treated as dominant markers, generating a binary presence/absence matrix. Genetic diversity was estimated using the Shannon index, while marker informativeness was determined through the Polymorphism Information Content (PIC) and Marker Index (MI). Cluster analyses using UPGMA, Tocher, and Principal Component Analysis (PCA) were performed based on Jaccard's dissimilarity matrix. The mean Shannon index was 0.59, indicating low genetic diversity among accessions. On the other hand, SSR markers showed good discriminating power, with a mean PIC of 0.449, and two markers were highly informative (PIC > 0.5). Cluster analyses (UPGMA and Tocher) and PCA revealed genetic variation among accessions, particularly highlighting A1.21 and A1.48 as the most divergent. Despite the overall low diversity, distinct differences among accessions were still observed. These findings underscore the importance of expanding the genetic base of the germplasm bank by including new, more diverse accessions and employing a greater number of markers to support conservation strategies and breeding programs for this species.

Keywords: Araçá; germplasm characterization; genetic markers; microsatellites

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Psidium* abrange espécies de grande relevância ecológica e econômica, especialmente pela produção de frutos com alto valor nutricional e potencial de exploração comercial. Entre essas espécies, a *Psidium cattleianum* Sabine, conhecida popularmente como araçá, destaca-se em função de sua adaptabilidade a diferentes condições ambientais e às propriedades funcionais de seus frutos (PEREIRA *et al.*, 2018; SANTOS, *et al.*, 2024).

Apesar de seu potencial, a exploração comercial da espécie ainda é limitada. Essa limitação deve-se, em grande parte, à escassez de informações genéticas disponíveis, à ausência de estratégias direcionadas para o melhoramento genético (Santos *et al.*, 2024) e à falta de conhecimento sobre a conservação de germoplasma *in situ*, que permanece praticamente desconhecida (BITTENCOURT *et al.*, 2019). Diante desse cenário, a manutenção de bancos de germoplasma e a realização de estudos detalhados sobre a reprodução, polinização, diversidade genética, caracterização e seleção são fundamentais para a preservação da diversidade da espécie e para o sucesso de programas de melhoramento com foco na espécie.

A caracterização morfológica e a análise da diversidade genética, baseadas em caracteres quantitativos e qualitativos, são fundamentais para descrever os recursos genéticos e aplicá-los em programas de melhoramento. Além de ser uma abordagem acessível e de baixo custo, tem sido utilizada na distinção de genótipos em plantas cultivadas (HAILE; TESFAYE; OLANGO, 2023; JENA; AGARWAL; CHAND, 2021; LI *et al.*, 2023; MISHRA *et al.*, 2022). No entanto, embora as características morfológicas possam ser controladas a nível genético, elas podem ser inespecíficas e não polimórficas, e sua variação pode ser fortemente influenciada por fatores ambientais, dificultando assim a detecção confiável da diversidade entre espécies, variedades e indivíduos (ABD.SALAM *et al.*, 2025; ADHIKARI *et al.*, 2017).

A estimativa da diversidade genética por meio de técnicas moleculares apresenta maior confiabilidade, pois se baseia em marcadores altamente polimórficos e independentes das variações ambientais (SINGH; RAIGAR; CHAHOTA, 2021). Nesse contexto, os marcadores moleculares representam uma alternativa eficiente, oferecendo vantagens como alto polimorfismo, automação e maior precisão na caracterização genética (SHYLLA *et al.*, 2025). Dentre os principais tipos empregados na avaliação da diversidade genética, destacam-se RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), ISSR

(*Inter Simple Sequence Repeat*), SSR (*Simple Sequence Repeats* - SSR) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) (LAL *et al.*, 2022).

Os marcadores de SSR apresentam aplicações potenciais nos estudos de diversidade genética em plantas (NGUYEN *et al.*, 2024; WU *et al.*, 2019). Sua ampla utilização deve-se à elevada taxa de polimorfismo, herança codominante, distribuição homogênea no genoma e alta reprodutibilidade, tornando-os ferramentas eficazes na distinção de genótipos e na caracterização genética de diferentes espécies (ABDELKRIM *et al.*, 2023; MOUSAVI *et al.*, 2017; SINGH; RAIGAR; CHAHOTA, 2021; ZAVINON *et al.*, 2020). No gênero *Psidium*, os SSRs têm sido empregados para avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional, fornecendo suporte para estratégias de conservação e melhoramento de espécies nativas (HIEN; CHAM; HANG, 2024; KUMAR *et al.*, 2023; PARDO; HERNÁNDEZ; CAVADÍA, 2023; URQUÍA *et al.*, 2020).

Diante da importância do conhecimento sobre a diversidade genética para a coleta, conservação e uso do germoplasma, especialmente em programas de melhoramento genético, este estudo tem como objetivo avaliar a diversidade genética da coleção de germoplasma de *P. cattleianum* utilizando marcadores SSR, com vistas a identificar acessos geneticamente divergentes e com potencial para serem usados como genitores em futuros programas de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de coleta do material

Foi avaliada uma coleção de germoplasmas de *P. cattleianum* situada Zona na Mata Pernambucana na Estação experimental de Itambé (7°23'43.8"S; 35°10'44.1"W). Essa coleção é de propriedade do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA (Figura 1) e foi estabelecida no ano de 2010. Foram coletadas amostras de 18 acessos do banco de germoplasma.

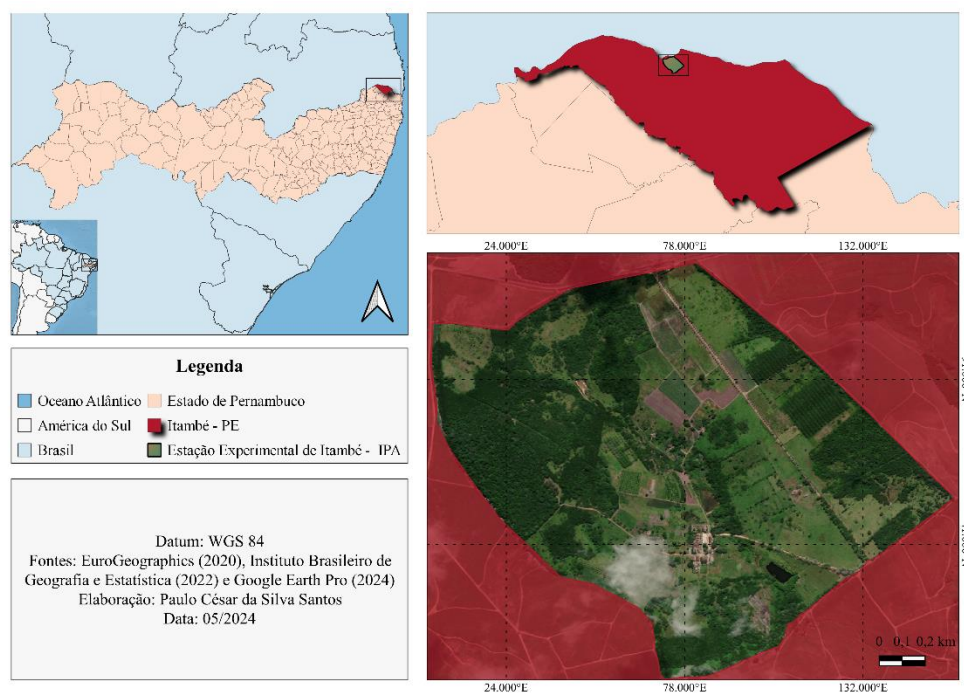


Figura 1. Localização da área do Banco de germoplasma ativo (BAG) de *Psidium cattleianum* Sabine no IPA Itambé, área da coleta de dados do estudo.

Fonte: Autor, 2024

2.2 Extração de DNA genômico e seleção de primers

O DNA total foi extraído de 50 mg de tecido de folhas jovens de cada amostra vegetativa. As amostras de folhas dos 18 acessos de *P. cattleianum* foram secas em sílica gel. A extração de DNA foi realizada seguindo o protocolo de Doyle & Doyle (1987) com modificações, e sua integridade foi verificada por eletroforese em gel de agarose a 1%. A quantidade de DNA foi medida usando um espectrofotômetro NanoDrop OneC UV-Vis, o DNA foi diluído para 5 ng/μL com tampão 1 × TE e, em seguida, armazenado em freezer.

Dez (10) primers moleculares SSR (Tabela 1) foram selecionados para este estudo, tendo como critério de escolha aqueles que apresentaram os melhores padrões de amplificação e qualidade de resolução dos loci, conforme descrito por Machado *et al.* (2021).

Tabela 1. Dez pares de primers desenvolvidos para microssatélites do genoma de *Psidium cattleyanum* Sabine

Nome do Primer	Seqüência (5'-3')	Tamanho do fragmento amplificado	Temperatura anelamento (°C)
PCS-IPA01	F: GACTTGACAAGGGCAAAGTC R: TAAAGGTGCATTTGTCTGCG	206-148	55
PCS-IPA02	F: AAGTTGGCAGGTCTAGTTCC R: TCAAGCTAGGTATGCTTCCC	294-280	60
PCS-IPA03	F: TCAAGCTAGGTATGCTTCCC R: GACCTGGGGTGTGCATAACAA	182-130	55
PCS-IPA04	F: GACCTGGGGTGTGCATAACAA R: GCAAGTTAAACCGATCTGCA	100-94	63
PCS-IPA05	F: GACTTGACAAGGGCAAAGTC R: CTGCGTGTGCTAGACCTTAA	190-148	60
PCS-IPA06	F: ACTAATGACGGTCCTTGAGAC R: TTGTTGAGACTGCATGCATG	214-210	51
PCS-IPA07	F: GCACGTGCAAGAAAGAGAG R: GTTCACACAGCACGCTAATT	234-200	60
PCS-IPA08	F: CATGAAAAATGAGTAGGCTCTC R: CTCAGCTGGTTGTGCATAAC	222-192	60
PCS-IPA09	F: CTCAGCTGGTTGTGCATAAC R: ACAGATGTCATCAGAAGACACT	242-174	60
PCS-IPA10	F: CGTTATCTCCTTCCTCCGAG R: ATCGCCGATCAACTTCGAG	290-176	60

2.3 Amplificação de DNA com marcadores SSR

A amplificação por PCR para análise de SSR foi conduzida em um Termociclador Veriti de 96 poços, utilizando os seguintes componentes: 4 µl de DNA genômico (5 U/µl); 2,0 µl de buffer (10×); 2,0 µl de MgCl₂ (50mM); 1,0 µl de dNTP (10mM); 0,3 µl de cada primer (10mM); 0,2 µl de Taq DNA Polymerase (5 U/µl), e água para completar o volume final de 20 µl.

As reações foram submetidas à desnaturação inicial por 4 min a 95 °C, seguidas por 35 ciclos de 30s a 95 °C, 30s a 51, 55, 60 ou 63 °C (de acordo com o primer) e 2 min a 72 °C, com uma extensão final de 7 min a 72°C e resfriamento subsequente a 4 °C. As condições de PCR incluíram a utilização de uma temperatura de anelamento específica para cada par de primers, conforme previamente estabelecido para otimizar a amplificação.

2.4 Eletroforese

Após a reação de amplificação, 10 µl do produto de PCR foram corados com 1 µl SYBR Green e 2 µl de tampão de carregamento, e colocados em um gel de agarose submetido à eletroforese em sistema horizontal. Nesta etapa, foi utilizada uma amostra de controle de PCR negativa sem DNA. Foi utilizado um marcador de peso molecular de 1 KB (Ladder). O gel de agarose foi então imerso em tampão TBE 1x(Tris-Borato-EDTA) e mantido a 90 V por 2h30 min. O resultado da eletroforese foi visualizado em luz UV e documentado com foto documentador digital

2.5 Análises estatísticas

Os marcadores SSR foram analisados como dominantes, com os dados codificados em uma matriz binária baseada na presença (1) ou ausência (0) das bandas no gel de agarose. Essa abordagem reduz a quantidade de informação genética capturada, pois desconsidera o caráter codominante dos SSRs e impede estimativas da heterozigosidade observada ou da frequência alélica nos indivíduos analisados.

O índice de Shannon (SHANNON, 1948) foi utilizado avaliar para avaliar a diversidade genética dos indivíduos, usando os pacotes *poppr* no software R (R CORE TEAM, 2024). O conteúdo de polimorfismo (PIC), descrito por Botstein et al. (1980), foi utilizado para caracterizar e medir a informatividade de cada marcador molecular. Além disso, o Índice de Marcadores (IM) foi calculado de acordo com a metodologia

proposta por Varshney *et al.* (2007), a fim de complementar a avaliação da eficiência dos marcadores utilizados.

A análise hierárquica de agrupamento foi realizada pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando a função `hclust()` e representada por um dendrograma construído com os pacotes `ape` (Paradis & Schliep, 2019) e `factoextra`. A análise de agrupamento foi realizada com base na matriz de dissimilaridade calculada pelo índice de Jaccard (JACCARD, 1901), obtida a partir do pacote `vegan` (OKSANEN *et al.*, 2022).

Os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher, conforme a metodologia descrita por Rao (1952), agrupando genótipos com menor dissimilaridade dentro de cada cluster. Além disso, foi aplicada a modificação proposta por Vasconcelos *et al.* (2007), que introduz um critério mais restritivo de agrupamento, onde a dissimilaridade máxima dentro de um grupo não pode exceder a média global da matriz de dissimilaridade, garantindo maior homogeneidade nos clusters formados.

A análise de Componentes Principais (PCA) foi conduzida para avaliar a variabilidade genética entre os acessos, utilizando o software R (R CORE TEAM, 2024) e os pacotes `FactoMineR` (LÊ; JOSSE; HUSSON, 2008) e `factoextra` (KASSAMBARA; MUNDT, 2020). A matriz de dados foi previamente padronizada e submetida à decomposição em componentes principais, com a contribuição relativa de cada variável sendo extraída a partir dos autovalores. A variância explicada pelos dois primeiros componentes principais foi utilizada para a visualização em um gráfico biplot, destacando a distribuição dos acessos e a contribuição dos marcadores na separação dos grupos. A importância dos marcadores foi representada por meio de gráficos de barras, gerados com o pacote `ggplot2` (WICKHAM, 2016), indicando a contribuição percentual de cada variável nas componentes principais.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A diversidade genética dentro de uma população de é fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento, pois fornece a base necessária para a seleção de genótipos superiores (GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASAN, 2015; KAVINO *et al.*, 2023). O estudo dessa diversidade permite avaliar o nível de variabilidade e a estrutura genética de uma população, fornecendo informações essenciais para a seleção de genótipos superiores. Esses dados são fundamentais para a escolha de indivíduos com potencial para serem utilizados como progenitores em programas de

melhoramento (GOVINDARAJ et al., 2015; MUKTA et al., 2024). O conjunto de genes presentes no germoplasma das culturas é reconhecido pelos melhoristas como um recurso importante para o melhoramento de plantas (MONTCHO *et al.*, 2021). Dispondo de germoplasma conservado, a diversidade pode ser avaliada usando uma variedade de abordagens moleculares.

A análise da diversidade por meio de marcadores pode auxiliar na identificação e classificação precisas de genótipos, além de permitir a detecção de possíveis duplicações. Os SSRs são capazes de distinguir genótipos com base em variações na região genômica e no número de alelos presentes (VG *et al.*, 2025; VIEIRA *et al.*, 2016). A eficácia dos SSRs na análise da diversidade genética tem sido constatada em diversas culturas de importância econômica, incluindo espécies do gênero *Psidium*.

Estudos realizados com esses marcadores confirmam a existência de uma alta variabilidade genética dentro das populações analisadas, reforçando sua relevância para pesquisas em diversidade genética (GUNEY *et al.*, 2021; KUMAR *et al.*, 2023; MACHADO *et al.*, 2021; URQUÍA *et al.*, 2020). Além disso, os SSRs podem ser utilizados na identificação varietal, caracterização de germoplasma, conservação de recursos genéticos e em programas de melhoramento, contribuindo para a seleção de genótipos superiores e para a preservação da diversidade genética disponível (NADEEM *et al.*, 2018).

Dentre os 10 primers testados para *P. cattleyanum*, oito apresentaram padrões de amplificação. Os primers PCS-IPA03 e PCS-IPA04 não geraram loci detectáveis nas condições deste estudo. No entanto Machado et al. (2021), relataram amplificação com esses mesmos primers, o que sugere que a ausência de loci pode estar relacionada a limitações da reação ou à necessidade de otimização dos parâmetros de amplificação. De modo geral, os marcadores moleculares SSR testados demonstraram eficiência na amplificação do DNA e na identificação de loci em *P. cattleyanum*.

O número de alelos é um indicador importante da riqueza genética, refletindo a capacidade de adaptação de uma população a diferentes ambientes. No estudo realizado com *P. cattleyanum*, foram identificados 19 alelos nos 8 loci de marcadores microsatélites em 18 acessos, com média de aproximadamente 2,4 alelos.

Tabela 2. Parâmetros de diversidade genética estimados em 18 acessos de *Psidium cattleyanum* com base em oito primers SSR, incluindo o número de bandas (NB), o índice de Shannon (I), o conteúdo de informação polimórfica (PIC) e o índice de marcador (IM).

SSR	NB	I	PIC	IM
PCS-IPA01	3	0,69	0,516	1,034
PCS-IPA02	3	0,65	0,456	0,912
PCS-IPA05	3	0,53	0,531	1,062
PCS-IPA06	2	0,35	0,346	0,692
PCS-IPA07	2	0,53	0,351	0,703
PCS-IPA08	2	0,67	0,475	0,950
PCS-IPA09	2	0,64	0,444	0,888
PCS-IPA10	2	0,67	0,475	0,95
Média	2,4	0,59	0,449	0,899

A média de 2,4 alelos por locus observada neste estudo é considerada baixa quando comparada a resultados obtidos em outras espécies do gênero *Psidium*, que apresentam médias superiores a 4 alelos por locus (PARDO; HERNÁNDEZ; CAVADÍA, 2023; URQUÍA *et al.*, 2020). Considerando que os marcadores SSR são altamente polimórficos, os dados obtidos neste trabalho podem refletir uma diversidade genética limitada no banco de *P. cattleianum*. No entanto, é importante destacar que a visualização das bandas foi realizada em gel de agarose, o que pode ter limitado a detecção do número real de alelos por locus. A utilização de gel de poliacrilamida, que possui maior poder de resolução, poderia permitir uma discriminação mais precisa entre fragmentos de tamanhos semelhantes e, conseqüentemente, revelar maior polimorfismo nos acessos do banco de germoplasma estudado.

O Índice de Informação de Shannon (I) variou de 0,35 (PCS-IPA06) a 0,69 (PCS-IPA01), com uma média de 0,59 (Tabela 2). Valores inferiores a 1 são interpretados como indicativos de baixa diversidade genética (SHANNON, 1948), sugerindo uma variação limitada dentro do banco de germoplasma estudado. Resultados semelhantes foram observados em acessos de *Hancornia speciosa* do banco de germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros, onde Índice de Shannon foi baixo (0,25), confirmando a baixa diversidade genética entre os acessos avaliados. De acordo com os autores, o baixo índice é atribuído à fragmentação das áreas de ocorrência e à forte pressão de seleção antrópica, fatores que impactam negativamente a variabilidade genética disponível e reforçam a importância de estratégias de conservação e ampliação da base genética nos bancos de germoplasma dessa espécie (COSTA *et al.*, 2011).

A baixa diversidade encontrada no banco pode ser atribuída a diversos fatores, incluindo a formação do banco a partir de um número restrito dos acessos, gargalos genéticos ocorridos durante sua formação e os processos seletivos aplicados (FRANCO-DURAN *et al.*, 2019). Assim, para aumentar a representatividade genética, novos acessos de *P. cattleyanum* devem ser incorporados ao banco, priorizando fontes com maior variabilidade e estratégias que favoreçam a manutenção da diversidade intraespecífica (OLIVEIRA *et al.*, 2020).

Os valores de PIC variaram de 0,3460 a 0,5314, com média de 0,4495, refletindo a informatividade dos marcadores. O maior valor (0,5314) foi observado para o marcador PCS-IPA05, seguido por PCS-IPA01 (0,5169). Já os marcadores PCS-IPA03 e PCS-IPA04 não apresentaram amplificação (Tabela 2).

A eficácia de um marcador, ou sua capacidade de detectar variações genéticas em uma população, é avaliada pelo conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) (MUKTA *et al.*, 2024). Esse índice permite diferenciar heterozigosidade e diversidade alélica, estando frequentemente correlacionado com a frequência dos alelos dentro da população (SERROTE *et al.*, 2020). Além disso, a informatividade do marcador depende do seu grau de polimorfismo, o que pode influenciar diretamente a eficiência de estratégias de melhoramento genético e a identificação de genes de interesse. Assim, a seleção de marcadores com altos valores de PIC pode otimizar análises populacionais e contribuir para a conservação da diversidade genética em programas de melhoramento (ALEMU *et al.*, 2020; SINGH; RAIGAR; CHAHOTA, 2021; TANG *et al.*, 2021).

A capacidade informativa dos loci pode ser classificada com base no valor do PIC: loci com PIC inferior a 0,25 são considerados de baixo valor informativo, aqueles com valores entre 0,25 e 0,50 apresentam informação intermediária, enquanto loci com PIC superior a 0,50 são altamente informativos (BOTSTEIN *et al.*, 1980). Dos 10 marcadores analisados, dois (PCS-IPA05 e PCS-IPA01) foram altamente informativos ($PIC > 0,5$), sendo adequados para estudos de diversidade em *P. cattleyanum*.

Seis marcadores apresentaram informatividade moderada ($0,25 < PIC < 0,50$) e dois não amplificaram, indicando ausência de variabilidade genética detectável com esses primers. A ausência de amplificação observada nos marcadores pode estar associada a falhas na amplificação PCR, baixa variabilidade genética nas regiões-alvo, ou a incompatibilidade dos primers com a população estudada.

O valor médio de 0,4495 na escala de alcance do PIC, sugere um nível intermediário de polimorfismo nos marcadores SSR analisados. Além disso, dois dos 10

marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 indica que são efetivamente informativos, possuindo um grau de polimorfismo intermediário. Isso sugere que, apesar de alguns marcadores apresentarem menor variabilidade, há loci capazes de distinguir geneticamente os indivíduos da população analisada.

Além do PIC, o Índice de Marcador (IM) também é utilizado para indicar o potencial dos primers na detecção de polimorfismos, auxiliando na seleção dos mais adequados para estudos genéticos (FELIX *et al.*, 2020; PIMENTA *et al.*, 2022; RAVI; SIRIL; NAIR, 2020). O IM variou de 0,692 a 1,062, sendo que os primers que amplificaram maior número de locus apresentaram os maiores valores desse índice (Tabela 2). De maneira semelhante ao PIC, os maiores valores de IM também foram observados para os marcadores PCS-IPA05 e PCS-IPA01. Esses resultados destacam o potencial dos primers em distinguir geneticamente os indivíduos, orientando a escolha dos primers mais eficientes para estudos de diversidade genética para a espécie.

3.1 Análises de agrupamento

As matrizes de similaridade dos 18 acessos de *P. cattleyanum*, obtidas com base no coeficiente de similaridade de Jaccard, foram utilizadas na análise de agrupamento UPGMA dos dados SSR, para gerar o dendrograma. Os acessos foram agrupados em quatro grupos (Figura 2).

Para avaliar o ajuste entre as matrizes de dissimilaridade e os agrupamentos no dendrograma, foi obtido a estimativa do coeficiente de correlação cofenética (CCC). Valores elevados indicam menor distorção na representação das distâncias (BUSSAB; MIAZAKI; ANDRADE, 1990). O método UPGMA apresentou alta precisão (CCC = 0.96), confirmando sua adequação para a análise dos acessos.

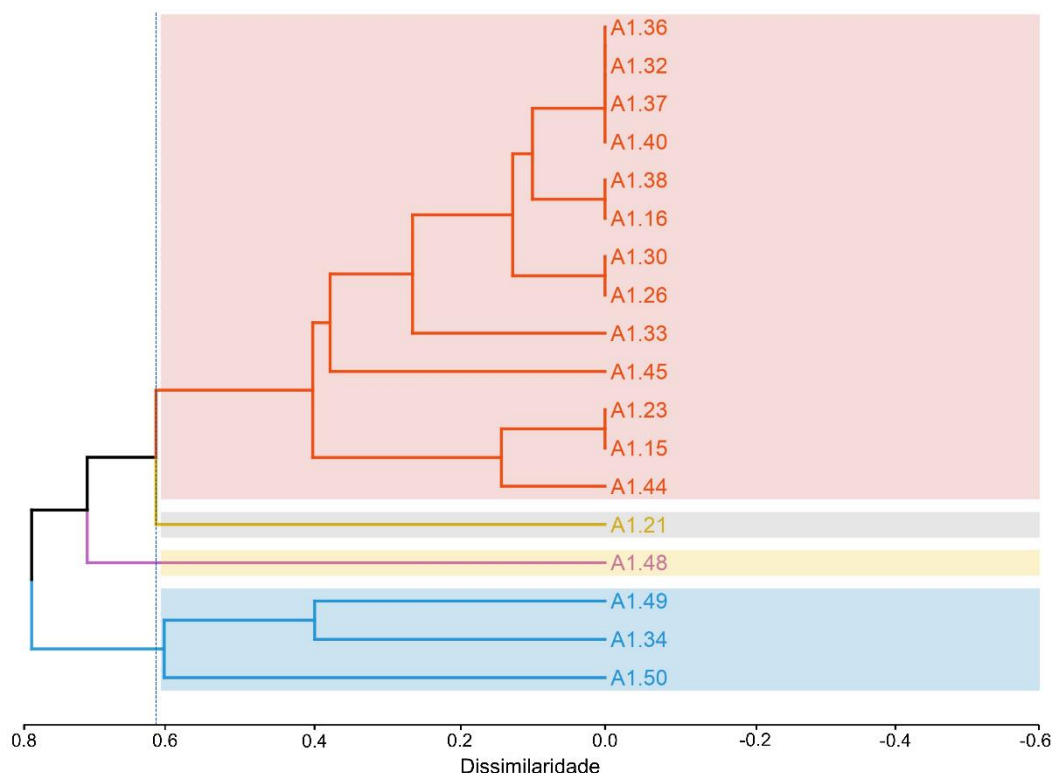


Figura 2. Dendrograma baseado na relação genética entre 18 acessos de *Psidium cattleyanum* Sabine (ponto de corte 0.61) gerados pelo método UPGMA usando 10 marcadores SSR.

Fonte: Autor, 2025

A análise de agrupamento UPGMA identificou diversidade genética entre os 18 acessos do banco de germoplasma de *P. cattleyanum*, evidenciada pela formação de quatro grupos distintos, no ponto de corte (0.61). Embora os valores de Shannon (Tabela 2) tenham indicado uma baixa diversidade no banco, os resultados na análise de agrupamento indicam que existe diferenças genéticas entre os acessos.

A existência dessa diversidade é importante para a conservação dos recursos genéticos e para o melhoramento da espécie, permitindo a seleção de acessos geneticamente distintos, a serem direcionados como genitores em cruzamentos. A seleção com base na dissimilaridade dos acessos, não apenas viabiliza o desenvolvimento de novas variedades comerciais, mas também facilita a identificação de descritores de interesse, ampliando o potencial genético disponível para futuras aplicações (SAVOIA *et al.*, 2023; SOOD *et al.*, 2023).

O método de otimização de Tocher modificado levou a formação de sete grupos, sendo o grupo 1, o que aglomerou o maior número de acessos, o que corresponde a 55% (Tabela 3). Os demais grupos foram compostos por dois ou apenas um acesso. Assim

como no método do UPGMA o A1.48 formou um grupo isolado, o que reforça a diversidade do acesso quando comparado aos demais.

A formação de um agrupamento isolado pelo acesso A1.48 em ambos os métodos de análise, evidencia sua distinção em relação aos demais acessos. Ao avaliarem o banco de germoplasma de *P. cattleyanum* do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), Santos et al. (2024) identificaram esse acesso entre os cinco de melhor desempenho segundo o Índice de Mulamba e Mock, com base em descritores morfológicos de frutos, o que pode indicar seu potencial para futuros programas de melhoramento da espécie.

Tabela 3. Representação do cluster gerado pelo método de otimização de Tocher modificado com base na dissimilaridade entre os 18 acessos de *Psidium cattleyanum* Sabine, obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.

Grupos	Acessos	Porcentagem
	A1.15, A1.16, A1.23, A1.26, A1.30, A1.32, 1.36,	
G1	A1.37, A1.38, A1.40	55,56
G2	A1.21, A1.33	11,11
G3	A1.34	5,56
G4	A1.44, A1.45	11,11
G5	A1.48	5,56
G6	A1.49	5,56
G7	A1.50	5,56

Diferentes métodos de agrupamento vêm sendo utilizados em estudos de diversidade genética com o uso de marcadores moleculares (EGBADZOR *et al.*, 2014; FELIX *et al.*, 2020; NASCIMENTO *et al.*, 2023). Essas técnicas têm como objetivo classificar amostras em subgrupos (clusters) com base em suas características semelhantes, possibilitando a identificação da similaridade e dissimilaridade entre os germoplasmas e, dessa forma, propiciando a seleção dos indivíduos mais promissores para programas de melhoramento genético (MORAES *et al.*, 2017). A escolha a escolha do método de agrupamento influencia diretamente os resultados obtidos, tendo em vista que diferentes abordagens podem gerar diferentes padrões de formação.

A diferença no número de grupos obtidos pelos métodos de Tocher e UPGMA ocorre em função das diferenças nos critérios de agrupamento utilizados. O método de Tocher, baseado na otimização, considera a média das dissimilaridades dentro de cada

grupo, resultando em maior homogeneidade interna. No entanto, essa sensibilidade leva à formação de um maior número de grupos, separando os acessos geneticamente distintos, o que pode ser útil para identificar subconjuntos homogêneos na população (MARTINS *et al.*, 2023).

Por outro lado, o método UPGMA, de abordagem hierárquica, forma grupos progressivamente por meio de um dendrograma, considerando as menores dissimilaridades relativas. O número final de grupos depende do ponto de corte no dendrograma, o que resulta em um menor número de clusters do que o método de Tocher. Além disso, sua menor sensibilidade a variações na matriz de dissimilaridade torna-o mais estável e adequado para análises hierárquicas das relações genéticas e inferências evolutivas (KUMAR *et al.*, 2020; YOSHIDA *et al.*, 2022).

3.2 Componentes principais

A Figura 3 apresenta o *biplot* dos dois primeiros componentes principais (PCA 1 e PCA 2), que explicam juntos 58,48% da variabilidade genética entre os 18 acessos de *P. cattleyanum*, com base nos marcadores SSR. O componente principal 1 (PCA 1) foi responsável por 40,59% da variação, enquanto o componente 2 (PCA 2) explicou 17,89%. A análise PCA revelou a formação de quatro grupos distintos (Figura 3), em conformidade com a análise de agrupamento pelo método UPGMA (Figura 2). Em ambas as análises, o agrupamento dos acessos foi semelhante, destacando-se A1.21 e A1.48 como os mais dissimilares.

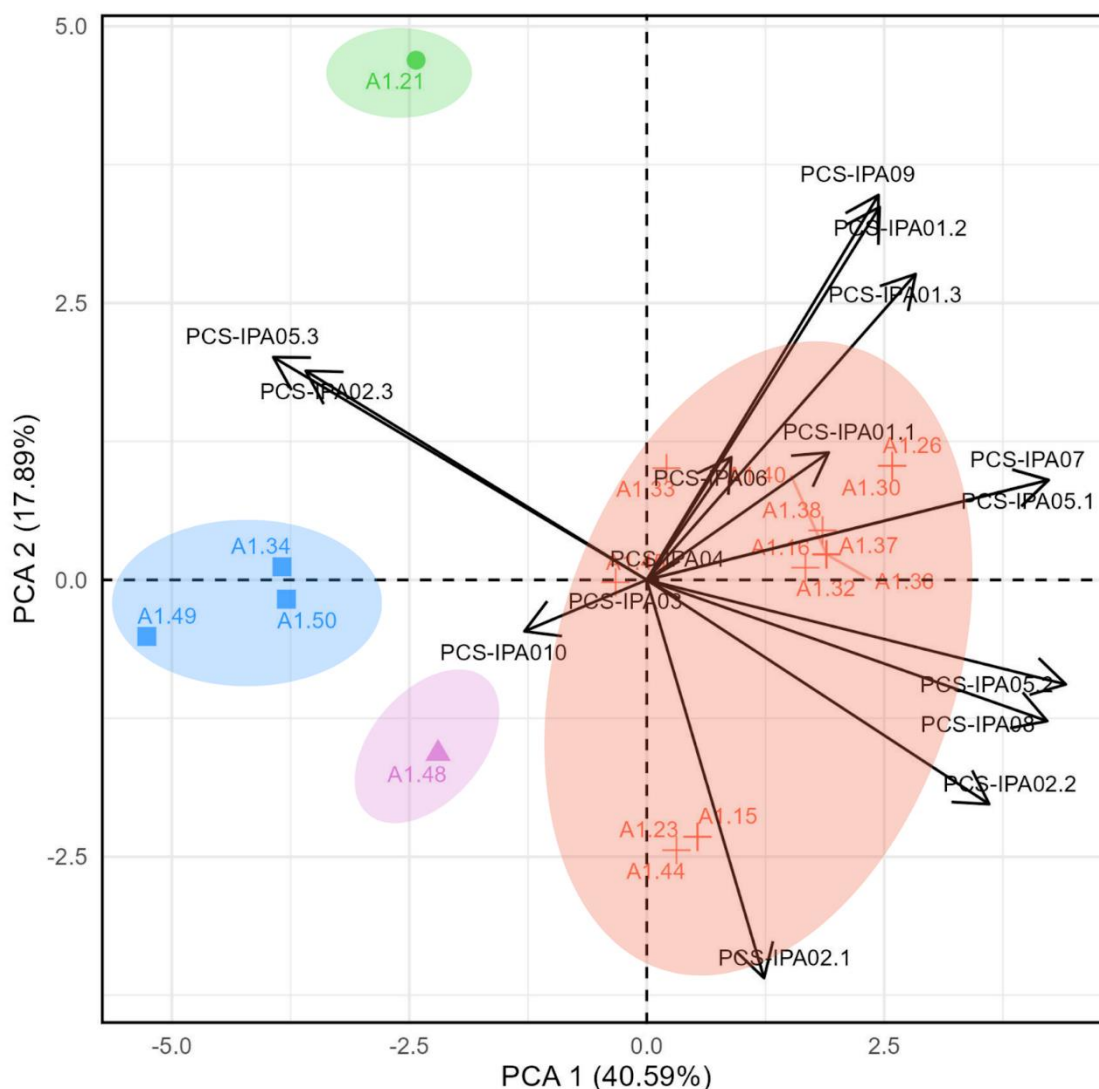


Figura 3. *Bitplot* dos 18 acessos de *Psidium cattleianum* Sabine, com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.

Fonte: Autor (2025).

O grupo com o maior número de acessos (vermelho) sugere maior similaridade genética entre eles, ou seja, compartilham características comuns e apresentam menor variabilidade interna. Esse padrão é frequentemente observado em populações submetidas a processos de seleção, sejam naturais ou artificiais, que promovem a fixação de alelos vantajosos e reduzem a diversidade genética ao longo das gerações (TIWARI *et al.*, 2022).

Os bancos de germoplasma têm como principal objetivo a conservação da variabilidade de espécies de interesse, garantindo uma ampla base genética que possa subsidiar programas de melhoramento e conservação da espécie (OLIVEIRA *et al.*, 2020). No entanto, a presença de elevado número de acessos geneticamente semelhantes

como observado no banco de *P. cattleyanum* pode comprometer a representatividade da coleção, limitando assim o seu potencial de uso. Por outro lado, indivíduos que se agrupam em clusters isolados indicam uma maior dissimilaridade com relação aos outros acessos, sugerindo que podem conter alelos únicos (UPADHYAYA *et al.*, 2008). Assim, a conservação e desses acessos é de grande importância, pois são fontes de diversidade genética que pode ser exploradas em programas de melhoramento.

A análise de PCA também permitiu verificar a contribuição dos marcadores SSR, de modo que, os acessos estão distribuídos em função dos vetores que representam os marcadores. A distribuição no *biplot* (Figura 3) está diretamente relacionado com a contribuição de cada marcador na diversidade genética. Essas informações auxiliam na identificação dos marcadores mais informativos e na distinção entre os acessos, podendo assim ser aplicados em estudos futuros.

O PCS-IPA05 e PCS-IPA07 apresentam as maiores contribuições percentuais para a separação entre os grupos, indicando que esses marcadores foram os que mais influenciam variação explicada pelo primeiro componente principal (Figura 4A). Já na Figura 4B, os marcadores PCS-IPA02, PCS-IPA09 e PCS-IPA01 se destacam como os principais responsáveis pela variação capturada pelo segundo componente.

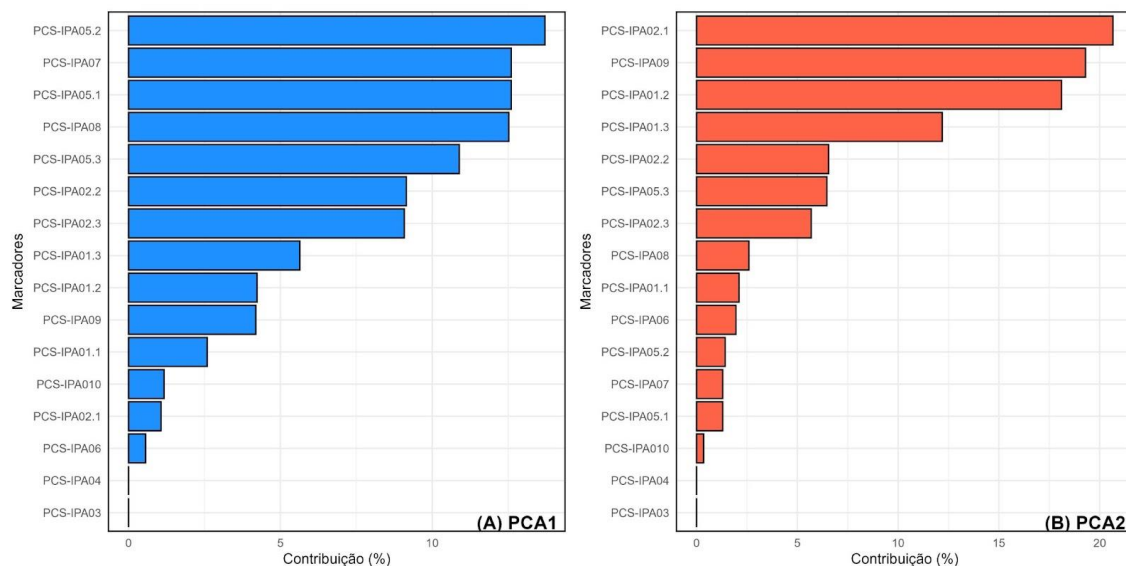


Figura 4. Contribuição relativa para os dois primeiros componentes principais com base nos 18 acessos de *Psidium cattleyanum* Sabine, obtidos pela amplificação dos marcadores SSR.

Fonte: Autor (2025).

O marcador PCS-IPA05 apresentou a maior contribuição para o CP1, sendo também o que obteve o maior valor de informatividade (PIC) (Tabela 2), o que reforça

sua importância na diferenciação genética entre os acessos estudados. A identificação de marcadores com maior influência na separação dos grupos genéticos é fundamental para a seleção de descritores moleculares mais informativos, podendo assim otimizar futuras análises de caracterização genética e contribuir para a eficiência no manejo de bancos de germoplasma e programas de melhoramento (MARIN-MONTES *et al.*, 2019).

Os resultados das análises de agrupamento e PCA, indicam a existência de estrutura genética entre os acessos do banco de germoplasma de *P. cattleyanum*. A identificação de acessos geneticamente divergentes por meio dessas abordagens multivariadas reforça sua importância como ferramentas estratégicas tanto para a conservação quanto para o direcionamento de cruzamentos, com o objetivo de ampliar a diversidade genética da espécie.

Apesar da baixa diversidade encontrada entre os acessos, a presença de grupos geneticamente distintos destaca a importância da manutenção, caracterização e ampliação do banco de germoplasma, o que é de grande importância para o sucesso de programas de melhoramento genético de *P. cattleyanum*. Estratégias como a introdução de novos acessos e a avaliação com um maior número de marcadores SSR podem contribuir para uma avaliação mais ampla da diversidade existente, permitindo um manejo mais eficiente dos recursos genéticos da espécie.

4. CONCLUSÕES

Os marcadores SSR utilizados neste estudo demonstraram eficiência na quantificação da diversidade genética, contribuindo para um melhor entendimento da diversidade do banco de germoplasma. Embora a diversidade observada tenha sido relativamente baixa, as análises de agrupamento confirmaram a existência de variação genética entre os acessos, evidenciada pela formação de diferentes grupos. Dentre eles, os acessos A1.21 e A1.48 destacaram-se como os mais dissimilares, o que os torna potenciais candidatos a serem direcionados a programas de melhoramento da espécie.

Com base nesses resultados, ressalta-se a necessidade de aumentar a base genética do banco de germoplasma, por meio da inclusão de acessos que apresentem maior diversidade. Além disso, a aplicação de um número maior de marcadores SSR poderá fornecer uma caracterização mais detalhada da diversidade genética em *P. cattleyanum* no banco de germoplasma do IPA.

5. REFERÊNCIAS

ABDELKRIM, R.; ZIANE, L.; RIMA, B. H.; KHALED, C.; SARRA, C.; ALI, B. Molecular identification of genetic diversity in date palms (*Phoenix dactylifera* L.) from Algerian oases using Simple Sequence Repeats (SSR) markers. **South African Journal of Botany**, v. 157, p. 438–446, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.04.017>.

ABD.SALAM, S. E.; HASSN, E. E.; HASSAN, A. A.; ABDELGHANY, M. Genetic diversity of some bread wheat genotypes under water stress using morphological traits and SSR markers. **South African Journal of Botany**, v. 178, p. 360–371, 2025. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2025.01.041>.

ADHIKARI, S.; SAHA, S.; BISWAS, A.; RANA, T. S.; BANDYOPADHYAY, T. K.; GHOSH, P. Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. **The Nucleus**, v. 60, n. 3, p. 283–297, 2017. <https://doi.org/10.1007/S13237-017-0214-7>.

ALEMU, A.; FEYISSA, T.; LETTA, T.; ABEYO, B. Genetic diversity and population structure analysis based on the high density SNP markers in Ethiopian durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum). **BMC Genetics**, v. 21, n. 1, p. 1–12, 2020. <https://doi.org/10.1186/S12863-020-0825-X/TABLES/5>

BITTENCOURT, G. M.; FIRMIANO, D. M.; FACHINI, R. P.; LACAZ-RUIZ, R.; FERNANDES, A. M.; OLIVEIRA, A. L. Application of Green Technology for the Acquisition of Extracts of Araçá (*Psidium grandifolium* Mart. ex DC.) Using Supercritical CO₂ and Pressurized Ethanol: Characterization and Analysis of Activity. **Journal of Food Science**, v. 84, n. 6, p. 1297–1307, 2019. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.14584>.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v. 32, n. 3, p. 331, 1980. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC1686077/>

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. de. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo : IME - USP, 1990. v. 1. *E-book*. Disponível em: <https://repositorio.usp.br/item/000805182>.

COSTA, T. S.; SILVA, A. V. da; LÉDO, A. da S.; SANTOS, A. R. F. dos; SILVA JÚNIOR, J. F. Diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5, p. 499–507, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011000500007>.

EGBADZOR, K. F.; OFORI, K.; YEBOAH, M.; ABOAGYE, L. M.; OPOKU-AGYEMAN, M. O.; DANQUAH, E. Y.; OFFEI, S. K. Diversity in 113 cowpea [*Vigna unguiculata* (L) Walp] accessions assessed with 458 SNP markers. **Journal of the Korean Physical Society**, v. 3, n. 1, p. 1–15, 2014. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-3-541/FIGURES/9>.

FELIX, F. C.; CHAGAS, K. P. T. Das; FERRARI, C. D. S.; VIEIRA, F. D. A.; PACHECO, M. V. APPLICATIONS OF ISSR MARKERS IN STUDIES OF GENETIC

- DIVERSITY OF *Pityrocarpa moniliformis*. **Revista Caatinga**, v. 33, n. 4, p. 1017–1024, 2020. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020V33N417RC>.
- FRANCO-DURAN, J.; CROSSA, J.; CHEN, J.; HEARNE, S. J. The impact of sample selection strategies on genetic diversity and representativeness in germplasm bank collections. **BMC Plant Biology**, v. 19, n. 1, p. 1–17, 2019. <https://doi.org/10.1186/S12870-019-2142-Y/TABLES/9>.
- GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. **Genetics Research International**, v. 2015, n. 1, p. 1–14, 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/431487>.
- GUNEY, M.; KAFKAS, S.; KELES, H.; ZARIFIKHOSROSHAHI, M.; GUNDESLI, M. A.; ERCISLI, S.; NECAS, T.; BUJDOSO, G. Genetic Diversity among Some Walnut (*Juglans regia* L.) Genotypes by SSR Markers. **Sustainability (Switzerland)**, v. 13, n. 12, p. 6830, 2021. <https://doi.org/10.3390/SU13126830/S1>.
- HAILE, B.; TEFAYE, B.; OLANGO, T. M. Fruit and seed morphological divergence between wild and cultivated enset (*Ensete ventricosum* [Welw.] Cheesman). **South African Journal of Botany**, v. 163, p. 87–94, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.10.021>.
- HIEN, P. T. T.; CHAM, L. T. T.; HANG, V. T. T. Genetic diversity of Guava varieties (*Psidium guajava* L.) based on morphology and ISSR molecular markers. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, v. 25, n. 3, p. 1037–1045, 2024. <https://doi.org/10.13057/BIODIV/D250317>.
- JENA, R. C.; AGARWAL, K.; CHAND, P. K. Fruit and leaf diversity of selected Indian mangoes (*Mangifera indica* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 282, p. 109941, 2021. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2021.109941>.
- KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. **R package version 1.0.7**, 2020.
- KAVINO, M.; SANJANA, U.; AUXCILIA, J.; RAVEENDRAN, M. Evaluation and selection in half-sib progenies of *Psidium guajava* aiming to identify pink pulp with soft seed progeny. **Scientia Horticulturae**, v. 315, p. 111972, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.111972>.
- KUMAR, S.; SINGH, A.; YADAV, A.; BAJPAI, A.; SINGH, N. K.; RAJAN, S.; TRIVEDI, M.; M, M. Identification and validation of novel genomic SSR markers for molecular characterization of guava (*Psidium guajava* L.). **South African Journal of Botany**, v. 155, p. 79–89, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2023.02.005>.
- KUMAR, Y.; NIWAS, R.; NIMBAL, S.; DALAL, M. S. Hierarchical cluster analysis in barley genotypes to delineate genetic diversity. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 11, n. 03, p. 742–748, 2020. <https://doi.org/10.37992/2020.1103.122>.
- LAL, M.; MUNDA, S.; BHANDARI, S.; SAIKIA, S.; BEGUM, T.; PANDEY, S. K. Molecular genetic diversity analysis using SSR marker amongst high solasodine content

lines of *Solanum khasianum* C.B. Clarke, an industrially important plant. **Industrial Crops and Products**, v. 184, p. 115073, 2022.

<https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2022.115073>.

LÊ, S.; JOSSE, J.; HUSSON, F. FactoMineR: An R Package for Multivariate Analysis.

Journal of Statistical Software, v. 25, n. 1, p. 1–18, 2008. Disponível em:

<https://doi.org/10.18637/JSS.V025.I01>. Acesso em: 23 mar. 2025.

LI, Y.; ZHANG, P.; CHACHAR, S.; XU, J.; YANG, Y.; GUAN, C. A comprehensive evaluation of genetic diversity in persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) germplasms based on large-scale morphological traits and SSR markers. **Scientia Horticulturae**, v. 313, p. 111866, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.111866>.

MACHADO, R. M.; OLIVEIRA, F. A.; ALVES, F. de M.; SOUZA, A. P.; FORNI-MARTINS, E. R. Population Genetics of Polyploid Complex *Psidium cattleianum* Sabine (Myrtaceae): Preliminary Analyses Based on New Species-Specific Microsatellite Loci and Extension to Other Species of the Genus. **Biochemical Genetics**, v. 59, n. 1, p. 219–234, 2021. <https://doi.org/10.1007/S10528-020-10002-1/TABLES/5>.

MARIN-MONTES, I. M.; LOBATO-ORTIZ, R.; CARRILLO-CASTAÑEDA, G.; RODRÍGUEZ-PÉREZ, J. E.; GARCÍA-ZAVALA, J. J.; VELASCO-GARCÍA, Á. M. Riqueza alélica de poblaciones nativas de jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) para el mejoramiento genético. **Agrociencia**, v. 53, n. 3, p. 355–370, 2019.

MARTINS, V.; PEDRI, E. C. M. de; TIAGO, A. V.; ROVEDA, A. P.; WOLF, M. S.; ROSSI, A. A. B. Molecular Characterization of Fifteen Ethnovarieties of Cassava Cultivated in the Northern Region of the State of Mato Grosso, Brazil. **Ensaios e Ciência: Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde**, v. 27, n. 4, p. 423–429, 2023. <https://doi.org/10.17921/1415-6938.2023V27N4P423-429>.

MISHRA, D. S.; BERWAL, M. K.; SINGH, A.; SINGH, A. K.; RAO, V. V. A.; YADAV, V.; SHARMA, B. D. Phenotypic diversity for fruit quality traits and bioactive compounds in red-fleshed guava: Insights from multivariate analyses and machine learning algorithms. **South African Journal of Botany**, v. 149, p. 591–603, 2022. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2022.06.043>.

MONTCHO, D.; SOW, M.; KOLADE, O.; BOCCO, R.; AGBANGLA, C. Genetic Diversity Study of African Rice (*Oryza glaberrima*) and its Wild Relatives using Microsatellites Markers. **Annual Research & Review in Biology**, v. 36, n. 5, p. 69110, 2021. <https://doi.org/10.9734/ARRB/2021/v36i530378>.

MORAES, A. C. P. de; SILVA, F. M. da; ARCENIO, A.; CORRÊA, P.; ORLANDO, A.; MAURO, D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Phenotypic diversity in physic nut (*Jatropha curcas* L.) in vivo germplasm bank for superior parent selection. **African Journal of Biotechnology**, v. 16, n. 17, p. 953–961, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJB2017.15890>.

MOUSAVI, S.; MARIOTTI, R.; REGNI, L.; NASINI, L.; BUFACCHI, M.; PANDOLFI, S.; BALDONI, L.; PROIETTI, P. The first molecular identification of an olive collection applying standard simple sequence repeats and novel expressed

sequence tag markers. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 268079, 2017.
<https://doi.org/10.3389/FPLS.2017.01283/BIBTEX>.

MUKTA, S.; BAPPY, M. N. I.; BHUIYAN, J.; ZOHORA, F. T.; AFRIN, D. Assessment of genetic diversity in Bangladeshi rice (*Oryza sativa* L.) varieties utilizing SSR markers. **Gene Reports**, v. 37, p. 102051, 2024.
<https://doi.org/10.1016/J.GENREP.2024.102051>.

NADEEM, M. A. *et al.* DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, v. 32, n. 2, p. 261–285, 2018.
<https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>.

NASCIMENTO, F. S. S. do; SOUZA, G. do N.; SANTOS, V. B. dos; REIS, S. S. de O.; SOUZA, C. da S.; PETERS, L. P.; SILVA, B. K. de A. da. Estimativa da diversidade de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre com marcadores SSR. **Scientia Naturalis**, v. 5, n. 1, p. 287–302, 2023. <https://doi.org/10.29327/269504.5.1-20>.

NGUYEN, B. H.; LE, T. T.; VU, T. B. H.; NGUYEN, V. X. Assessing the genetic diversity of taro germplasm collection in Vietnam using simple sequence repeat markers. **Journal of Crop Improvement**, v. 38, n. 5, p. 440–458, 2024.
<https://doi.org/10.1080/15427528.2024.2361446>.

OLIVEIRA, G. L.; SOUZA, A. P.; OLIVEIRA, F. A.; ZUCCHI, M. I.; SOUZA, L. M.; MOURA, M. F. Genetic structure and molecular diversity of Brazilian grapevine germplasm: Management and use in breeding programs. **PLOS ONE**, v. 15, n. 10, p. e0240665, 2020. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0240665>.

PARDO, E.; HERNÁNDEZ, K.; CAVADÍA, T. Molecular characterization of guava *Psidium guajava* in Cereté, Córdoba, Colombia. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v. 51, n. 3, p. 13305–13305, 2023.
<https://doi.org/10.15835/NBHA51313305>.

PEREIRA, E. dos S.; VINHOLES, J.; FRANZON, R. C.; DALMAZO, G.; VIZZOTTO, M.; NORA, L. *Psidium cattleianum* fruits: A review on its composition and bioactivity. **Food Chemistry**, v. 258, p. 95–103, 2018.
<https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.03.024>.

PIMENTA, J. M. A.; FELIX, F. C.; ARAUJO, J. S. O.; FAJARDO, C. G.; PACHECO, M. V. Selection of issr molecular primers for studies of genetic diversity in *Handroanthus impetiginosus* (MART. EX DC.) MATTOS. **Revista Caatinga**, v. 35, n. 1, p. 231–238, 2022. <https://doi.org/10.1590/1983-21252022V35N124RC>.

RAO, C. R. Advanced Statistical Methods in Biometric Research. **New York: John Wiley & Sons**, 1952.

RAVI, R. S. D.; SIRIL, E. A.; NAIR, B. R. The efficiency of Cytochrome P450 gene-based markers in accessing genetic variability of drumstick (*Moringa oleifera* Lam.) accessions. **Molecular biology reports**, v. 47, n. 4, p. 2929–2939, 2020.
<https://doi.org/10.1007/S11033-020-05391-W>.

- SANTOS, P. C. S.; GALLO, R.; NONATO, E. R. L.; SANTOS, R. da S.; SOUSA, M. B. de; SILVA, C. L. da; SANTOS, M. M.; LIRA JÚNIOR, J. S. *Psidium cattleianum* Sabine: a bibliometric approach focused on its bioactive properties and applications. **Forests, Trees and Livelihoods**, v. 33, n. 3, p. 207–230, 2024 a. <https://doi.org/10.1080/14728028.2024.2343919>.
- SANTOS, P. C. da S.; GALLO, R.; SILVA, G. C.; NONATO, E. R. L.; SOUSA, M. B.; SILVA, C. L. Genetic potential and breeding strategies in *Psidium cattleianum* Sabine: a bibliometric analysis. **Journal of Crop Improvement**, v. 38, n. 5, p. 513–549, 2024 b. <https://doi.org/10.1080/15427528.2024.2375274>.
- SAVOIA, M. A.; DEL FARO, L.; TURCO, A.; FANELLI, V.; VENERITO, P.; MONTEMURRO, C.; SABETTA, W. Biodiversity Evaluation and Preservation of Italian Stone Fruit Germplasm (Peach and Apricot) in Southern Italy. **Plants**, v. 12, n. 6, p. 1279, 2023. <https://doi.org/10.3390/PLANTS12061279/S1>.
- SERROTE, C. M. L.; REINIGER, L. R. S.; SILVA, K. B.; RABAIOLLI, S. M. dos S.; STEFANEL, C. M. Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker. **Gene**, v. 726, p. 144175, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.GENE.2019.144175>.
- SHANNON, C. E. A Mathematical Theory of Communication. **Bell System Technical Journal**, v. 27, n. 3, p. 379–423, 1948. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/J.1538-7305.1948.TB01338.X>. Acesso em: 11 mar. 2025.
- SHYLLA, B.; SHARMA, D. P.; HANDA, A.; THAKUR, M.; SHARMA, P.; NEGI, N. Exploring genetic diversity in apricot (*Prunus armeniaca* L.) populations using SSR markers. **South African Journal of Botany**, v. 177, p. 50–59, 2025. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2024.11.030>.
- SINGH, H. P.; RAIGAR, O. P.; CHAHOTA, R. K. Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding. **The Botanical Review**, v. 88, n. 3, p. 413–435, 2021. <https://doi.org/10.1007/S12229-021-09274-Y>.
- SOOD, T.; SOOD, S.; SOOD, V. K.; BADIYAL, A.; ANURADHA; KAPOOR, S.; SOOD, V.; KUMAR, N. Characterisation of bell pepper (*Capsicum annuum* L. var. grossum Sendt.) accessions for genetic diversity and population structure based on agro-morphological and microsatellite markers. **Scientia Horticulturae**, v. 321, p. 112308, 2023. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.112308>.
- TANG, R.; CUI, D.; ZHOU, J.; LI, W.; MA, X.; HAN, B.; GUO, X.; ZHAO, Z.; HAN, L. Comparative analysis of genetic diversity of rice (*Oryza sativa* L.) varieties cultivated in different periods in China. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 68, n. 4, p. 1439–1451, 2021. <https://doi.org/10.1007/S10722-020-01073-5/FIGURES/4..>
- R CORE TEAM . **R: A language and environment for statistical computing**. Viena: R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <https://www.r-project.org/>
- UPADHYAYA, H. D.; DWIVEDI, S. L.; BAUM, M.; VARSHNEY, R. K.; UDUPA, S. M.; GOWDA, C. L.; HOISINGTON, D.; SINGH, S. Genetic structure, diversity, and allelic richness in composite collection and reference set in chickpea (*Cicer arietinum*

L.). **BMC Plant Biology**, v. 8, n. 1, p. 1–12, 2008. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-8-106/TABLES/3>.

URQUÍA, D.; POZO, G.; GUTIERREZ, B.; ROWNTREE, J. K.; TORRES, M. de L. Understanding the genetic diversity of the guayabillo (*Psidium galapageium*), an endemic plant of the Galapagos Islands. **Global Ecology and Conservation**, v. 24, p. e01350, 2020. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2020.E01350>.

VARSHNEY, R. K.; CHABANE, K.; HENDRE, P. S.; AGGARWAL, R. K.; GRANER, A. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. **Plant Science**, n. 173, p. 638–649, 2007 <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2007.08.010>.

VG, I. L.; PS, B.; B, M.; P, H. B.; V, A.; CA, M.; K, J.; MS, A.; C, G. Elucidating the genetic diversity and population structure of African rice (*Oryza glaberrima*) germplasm using microsatellite markers. **South African Journal of Botany**, v. 177, p. 411–420, 2025. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2024.12.018>.

VIEIRA, F. G.; LASSALLE, F.; KORNELIUSSEN, T. S.; FUMAGALLI, M. Improving the estimation of genetic distances from Next-Generation Sequencing data. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 117, n. 1, p. 139–149, 2016 <https://doi.org/10.1111/BIJ.12511/SUPPINFO>.

WICKHAM, H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. **Springer-Verlag**, New York, 2016.

WU, J.; WANG, Q.; XIE, J.; PAN, Y. B.; ZHOU, F.; GUO, Y.; CHANG, H.; XU, H.; ZHANG, W.; ZHANG, C.; QIU, Y. SSR Marker-Assisted Management of Parental Germplasm in Sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) Breeding Programs. **Agronomy**, v. 9, n. 8, p. 449, 2019. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY9080449>.

YOSHIDA, R.; PAUL, L.; NESBITT, P. Stochastic Safety Radius on UPGMA. **Algorithms**, v. 15, n. 12, p. 483, 2022. <https://doi.org/10.3390/A15120483>.

ZAVINON, F.; ADOUKONOU-SAGBADJA, H.; KEILWAGEN, J.; LEHNERT, H.; ORDON, F.; PEROVIC, D. Genetic diversity and population structure in Beninese pigeon pea [*Cajanus cajan* (L.) Huth] landraces collection revealed by SSR and genome wide SNP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, n. 1, p. 191–208, 2020. <https://doi.org/10.1007/S10722-019-00864-9/FIGURES/6>.

CONCLUSÕES GERAIS

Nos últimos anos, o aumento significativo das pesquisas sobre a *P. cattleyanum* evidencia o reconhecimento de seu valor em diversas áreas, como ciências de plantas, tecnologia de alimentos e farmácia, com o Brasil desempenhando um papel central nesse avanço. A espécie se destaca como uma rica fonte de compostos bioativos com propriedades antioxidantes, antimicrobianas, antiproliferativas e antihiperglicêmicas, além de ser uma matéria-prima promissora para a indústria alimentícia, melhorando suas propriedades sensoriais e acessíveis aos consumidores.

A valorização da *P. cattleyanum* também se estende ao campo dos programas de melhoramento genético, onde a variabilidade genética existente entre os acessos ao germoplasma oferece um potencial significativo para ganhos genotípicos, no melhoramento de características sensoriais e qualidade dos frutos. A identificação de acessos com características de interesse para o rendimento e qualidade de frutos, como os indivíduos A1.30, A1.40, A1.48, A1.44 e A1.21, destaca o potencial de seleção de material genético.

Os marcadores SSR são ferramentas importantes a serem utilizadas na avaliação da diversidade genética em *P. cattleyanum*. Apesar da baixa diversidade encontrada no banco, a formação de grupos distintos evidencia um potencial desses acessos para serem explorado em futuro programas de melhoramento genético. Assim, recomenda-se ampliar a base genética do banco por meio da inclusão de novos acessos que apresentem maior diversidade. Além disso, a utilização de um número maior de marcadores SSR permitirá uma avaliação mais abrangente e detalhada da diversidade genética presente no banco.

Tabela S1. Descrição das características morfométricas e físico-químicas empregadas para avaliar a divergência genética em frutos de *P. cattleyanum* presentes no Banco de Germoplasma do Instituto agrônômico de Pernambuco (IPA)

Variável	Descrição
Área	Área de seleção da semente em unidades quadradas calibradas, calculado dentro do polígono definido pelo perímetro (mm ²).
Perímetro	Comprimento do limite externo da seleção da semente em unidades quadradas calibradas, calculado a partir dos centros dos pixels limite (mm).
Circularidade	Valor escalar de 0,0 a 1,0, indicando um círculo perfeito quando próximo a 1,0 para a forma da semente em relação ao seu perímetro $4\pi \times \frac{[\text{Área}]}{[\text{Perímetro}]^2}$.
Comprimento	Maior distância entre dois pontos ao longo do limite de seleção da semente em unidades quadradas calibradas (mm).
Largura	Menor distância entre dois pontos ao longo do limite de seleção da semente em unidades quadradas calibradas (mm).
Redondeza	Valor escalar de 0,0 a 1,0, indicando um círculo perfeito quando próximo a 1,0 para a forma da semente em relação ao eixo maior $4 \times \frac{[\text{Área}]}{\pi \cdot [\text{Eixo maior}]^2}$.
Solidez	Valor escalar de 0,0 a 1,0, indicado com relação a seleção de área convexa da semente $\frac{[\text{Área}]}{[\text{Área convexa}]}$.
Espessura da casca (ECA)	Espessura da casca de um fruto medido com auxílio de um paquímetro (mm)
Massa dos frutos (MFR)	Massa total de um fruto (g)
Massa da casca (MCA)	Massa total de um fruto (g) sem polpa
Massa das sementes (MSE)	Massa total de sementes (g) de um fruto
Número de sementes por frutos (NSF)	Contagem total do número de sementes em um fruto
Massa da polpa (MPO)	Massa da polpa (g) sem sementes
Rendimento da polpa (RES)	Relação entre a massa da polpa (g) e a massa do fruto (g) $\frac{\text{Massa da polpa}}{\text{Massa do fruto}} \times 100$
Sólidos Solúveis (SS)	Concentração de açúcares de um fruto obtido pela leitura direta em um refratômetro com os resultados expressos em °Brix
Acidez total titulável (AT)	Quantidade de ácido presente em uma amostra expressa em (%)

Ratio (RT)	Razão entre sólidos solúveis (SS) e acidez total titulável (AT) $\frac{SS}{AT}$
------------	---
