

# Comparación de diferentes modelos estadísticos en la estimación de parámetros genéticos, en familias de hermanos completos de guayabo (*Psidium guajava*, Myrtaceae)

## Comparison of different statistic models in the genetic parameters estimation, on guava (*Psidium guajava*, Myrtaceae) full sibling families

Evelyn Bandera Fernández<sup>1\*</sup>, Leneidy Pérez Pelea<sup>1</sup>, Juliette Valdés-Infante Herrero<sup>2</sup> y Josefa Bárbara Velázquez Palenzuela<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Biología, Universidad de La Habana, Calle 25, N° 455, e/ J e I, Vedado, Plaza de la Revolución, La Habana, Cuba. C.P. 10400. <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Fruticultura Tropical, Ave 7ma, N° 3005, e/ 30 y 32, Miramar, Playa, La Habana, Cuba. C.P. 10500. \*Autor para correspondencia (e-mail: [ebanderafdez1990@gmail.com](mailto:ebanderafdez1990@gmail.com)).

### RESUMEN

El guayabo, es un frutal tropical y subtropical de gran valor nutricional, rico en vitaminas y sales minerales. En las plantas perennes se realizan mediciones durante varias cosechas sobre una misma planta, por lo que los datos obtenidos de estos experimentos, no satisfacen las premisas de los modelos lineales generales. Los modelos lineales generalizados mixtos permiten analizar datos con mediciones repetidas en el tiempo y extienden su uso a casos con predictores de distribuciones que pertenecen a la familia exponencial. Para su correcta aplicación se requiere realizar un estudio previo de los caracteres y seleccionar las especificaciones del modelo. El presente trabajo se realizó con el objetivo de comparar la precisión de diferentes modelos estadísticos en la estimación de parámetros genéticos, en familias de hermanos completos de guayabo. Se evaluaron 10 caracteres cuantitativos durante tres años, en tres familias de hermanos completos de guayabo, en Cuba. Se realizaron Análisis de Varianza bifactoriales (Modelo I y Modelo II), con el empleo del procedimiento GLM. Posteriormente, se emplearon procedimientos GLIMMIX, en los cuales se consideraron los factores genotipo e interacción genotipo-año como aleatorios, se especificó el factor año como medida repetida y la estructura de covarianza. La estimación de parámetros genético-estadísticos, con los métodos de Máxima Verosimilitud Restringida y Mínimos Cuadrados, permitieron detectar una alta variabilidad genética en las tres familias, así como una interacción genotipo-ambiente significativa en los caracteres evaluados. Los estimados de heredabilidad en sentido ancho obtenidos por ambos métodos, fueron muy similares y mostraron mayormente valores medios. Sin embargo, los estimados obtenidos por el método de Máxima Verosimilitud Restringida fueron más precisos.

**Palabras clave:** máxima verosimilitud restringida, medidas repetidas, mínimos cuadrados, modelos lineales generalizados

### ABSTRACT

Guava, is a tropical fruit tree with great nutritional values, rich in vitamins and mineral salts. In perennial plants, repeated measurements during several crops in the same plants are made, therefore the data obtained from these experiments do not satisfy the assumptions of the general linear models. Generalized linear mixed models allow data to be analyzed with repeated measurements over time and extend its use to cases with predictors of distributions belonging to the exponential family. For its correct application, is necessary to carry out a previous study of characters and select model specifications. The objective of the present work is to compare the precision of different statistical models in the estimation of genetic parameters, in guava full sibling families. Ten quantitative traits were evaluated during three years, in three guava full sibling families in Cuba. Factorial analyses of variance (Model I and Model II) were made, using the GLM procedure. After that, GLIMMIX procedures were used, in which genotype and genotype-year interaction as random factors, year as repeated measure and covariance structure were specified. The estimation of statistical genetic parameters, with the restricted maximum likelihood and least squares methods, allowed to detect a high genetic variability in the three families, as well as a significant genotype-environment interaction in the evaluated traits. The estimates of heritability in the broad sense were obtained by both methods, very similar and showed mostly mean values. However, when they were obtained by the restricted maximum likelihood method they were more accurate.

**Keywords:** restricted maximum likelihood, repeated measures, least squares, generalized linear models

**Citación:** Bandera, E., Pérez, L., Valdés-Infante, J. & Velázquez, J.B. 2021. Comparación de diferentes modelos estadísticos en la estimación de parámetros genéticos, en familias de hermanos completos de guayabo (*Psidium guajava*, Myrtaceae). *Revista Jard. Bot. Nac. Univ. Habana* 42: 55-68.

**Recibido:** 18 de septiembre de 2020. **Aceptado:** 19 de diciembre de 2020. **Publicado en línea:** 8 de abril de 2021. **Editor encargado:** José Angel García-Beltrán.

### INTRODUCCIÓN

El guayabo (*Psidium guajava* L.) pertenece a la familia *Myrtaceae*, que está constituida por 140 géneros y 4 630 especies (Judd & al. 2016). El género *Psidium* agrupa alrededor de 150 especies de árboles y arbustos, de las cuales solo 20 producen frutos comestibles (Paiva 2017). Este constituye uno de los frutales tropicales y subtropicales de mayor valor nutricional, dado fundamentalmente por su aporte en vitaminas y sales minerales. Además, sus frutos son

utilizados en la industria de jugos, néctares, jaleas, helados, dulces y para el consumo en fresco (Patel & al. 2015).

La demanda y expansión del cultivo del guayabo se ha desarrollado por la necesidad de obtener cultivares, con frutos de buena calidad y larga duración, resistentes a enfermedades y con alto contenido de nutrientes (Rawls & al. 2015). En los programas de mejoramiento genético es necesario conocer la heredabilidad de los caracteres de mayor importancia,

su grado de transmisión de progenitores a descendientes, y si los mismos son genéticamente independientes o no (Bandera 2018). De esta forma, se obtendrán estimados más precisos de la superioridad genética de los individuos, lo que permitirá seleccionar aquellos genotipos que presenten los caracteres de interés para el mejorador, y que a su vez, puedan ser transmitidos a la descendencia.

En las plantas perennes como el guayabo, se realizan mediciones repetidas en los individuos, pues se cosechan las mismas plantas durante varios años. Los experimentos con medidas repetidas no cumplen con las premisas básicas del análisis de varianzas como la normalidad, la homogeneidad de varianzas y la independencia de errores, lo que resulta en una correlación entre las mediciones (Cargnin 2016).

En las últimas décadas, los avances en la teoría y la metodología estadística de conjunto con el incremento de las capacidades de cálculo, permitieron el desarrollo de los Modelos Lineales Generalizados Mixtos (GLMMs, *Generalized Linear Mixed Models*), los cuales extienden la teoría del modelo lineal ajustada al análisis de varianzas (ANOVA), para acomodar datos no normales, con posible heterocedasticidad, y que estén correlacionados (Stroup 2015). Estos modelos amplían el uso de los modelos lineales mixtos a casos en los que los predictores tienen distribuciones de la familia exponencial. No obstante, para su correcta aplicación se requiere un conocimiento previo de las especificaciones del modelo, pues su uso puede brindar resultados incorrectos (Stroup 2015).

En los modelos lineales generalizados mixtos, se emplea el método de Máxima Verosimilitud Restringida Máxima Verosimilitud Restringida (REML, *Restricted Maximum Likelihood*) para estimar parámetros genéticos (Stroup 2015). Este método tiene como ventajas: que se puede aplicar a datos desbalanceados, permite analizar datos sin diseño experimental y utilizar una gran cantidad de datos que provienen de varios experimentos. De esta forma, se genera información de forma más precisa, se pueden analizar los datos que eliminan los efectos fijos, y predecir valores genéticos imparciales y precisos, por lo tanto, maximiza la ganancia por selección (Resende & Rosa-Pérez 2001). En base a estos antecedentes, el objetivo de este trabajo es comparar la precisión de diferentes modelos estadísticos en la estimación de parámetros genéticos, en familias de hermanos completos de guayabo.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Área de estudio

El estudio fue desarrollado en la Unidad Científico-Tecnológica de Base de Alquizar, provincia Artemisa, perteneciente al Instituto de Investigaciones en Fruticultura Tropical de Cuba. El sitio de estudio se encuentra ubicado en los 22°47' lat. N y 82°31' long. W, a 11 msn, sobre un suelo ferralsol éutrico, con una topografía llana de pendiente cero (Hernández-Jiménez & al. 2019).

### Material vegetal

Se utilizaron tres familias de hermanos completos de guayabo, obtenidas a partir de cruzamientos intraespecíficos, realizados mediante polinización controlada, en el año 2001. Se utilizaron como progenitores femeninos, tres plantas del cultivar 'Enana Roja Cubana' ('EEA 18-40'), y como progenitores masculinos se emplearon los cultivares: 'N6', 'Suprema Roja' y 'Belic L-207'. Estos cultivares fueron seleccionados como progenitores, por presentar gran variabilidad fenotípica y genotípica, detectada al realizar la evaluación al banco de germoplasma del cultivo, por medio de marcadores morfológicos y moleculares (Rodríguez & al. 2004).

Las semillas obtenidas de cada cruzamiento, se sembraron en semilleros y posteriormente se trasplantaron a bolsas individuales de 26 × 46 cm que contenían suelo ferralsol éutrico y materia orgánica (cachaza) en una relación de 3:1. Cuando las plantas tenían entre 50 y 60 cm de altura se plantaron, con un marco de plantación de 6 × 5 m. Cada una de las plantas obtenidas puede ser considerada un genotipo diferente, debido a que se obtuvieron de semillas, por lo que hay solo una réplica por genotipo.

En la familia 1 ('EEA 18-40' × 'N6') se obtuvieron 96 plantas (descendientes), en la familia 2 ('EEA 18-40' × 'Suprema Roja') 73 plantas y en la familia 3 ('EEA 18-40' × 'Belic L-207') 47 plantas. Las progenies difirieron en el número de descendientes debido a que los frutos obtenidos en cada cruzamiento no tenían el mismo número de semillas, y algunas plantas se perdieron por afectaciones producidas por factores bióticos y abióticos en los diferentes estadios de su crecimiento y desarrollo.

### Evaluación de caracteres cuantitativos

Se evaluaron diez caracteres cuantitativos de los propuestos por la Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas (UPOV 1987), y por Rodríguez & al. (2010a), como descriptores del guayabo. Los caracteres evaluados fueron: largo y ancho de la hoja, altura de la planta; masa, largo y ancho del fruto; espesor externo e interno de la pulpa; número y masa total de las semillas por fruto. Las mediciones se realizaron según las recomendaciones del descriptor del cultivo publicado por la UPOV (1987). Los caracteres vegetativos fueron evaluados en el período marzo-abril y los caracteres del fruto en el período agosto-septiembre, que es el pico de cosecha de verano. Los frutos se cosecharon en su madurez fisiológica y fueron evaluados en completa maduración, dos o tres días después de cosechados, durante tres años consecutivos (2006-2008). Para la medición de estos caracteres se utilizaron balanzas técnicas, reglas milimetradas y pie de rey.

### Estudio de los caracteres cuantitativos

Primeramente, se efectuó un estudio de los caracteres evaluados para comprobar si los datos experimentales se ajustaban a las premisas del Análisis de Varianza (ANOVA), como la normalidad, y detectar la presencia de valores atípicos (*outliers*). El estudio de los caracteres se realizó a partir del

cálculo de estadísticos descriptivos y el desarrollo de pruebas de bondad de ajuste a la distribución normal (Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Smirnov, Cramer-von Mises y Anderson-Darling), con el empleo del procedimiento *UNIVARIATE*. Luego, se empleó el procedimiento *SEVERITY* para determinar a cuál de las distribuciones de la familia exponencial se ajustaba cada uno de los caracteres. Este procedimiento utiliza los criterios de Akaike (AIC), Akaike corregido (AICC) y Bayesiano (BIC), para seleccionar la distribución de mejor ajuste de los datos, a partir del menor valor generado para estos criterios de ajuste.

### Estimación de los componentes de la varianza

Una vez conocida la distribución de ajuste de cada uno de los caracteres evaluados, se realizaron Análisis de Varianza bifactoriales, modelos de efectos fijos (Modelo I) y de efectos aleatorios (Modelo II), con el empleo del procedimiento GLM, que realiza la estimación de los efectos por el método de los Mínimos Cuadrados generalizados. En todos los análisis, se utilizaron como factores los genotipos, los años de evaluación y su posible interacción. Los análisis se realizaron con las mediciones obtenidas en cada población de manera independiente. Los análisis de varianza de efectos fijos permitieron determinar la significación estadística de los factores, mientras que los análisis de efectos aleatorios se emplearon para estimar los componentes de la varianza.

Los modelos lineales empleados fueron los siguientes: Modelo I:  $Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + e_{ijk}$ , donde:  $Y_{ijk}$ : valor fenotípico del  $i$ -ésimo genotipo obtenido en el  $j$ -ésimo año,  $\mu$ : efecto de la media general,  $\alpha_i$ : efecto fijo del  $i$ -ésimo genotipo,  $\beta_j$ : efecto fijo del  $j$ -ésimo año,  $(\alpha\beta)_{ij}$ : efecto fijo de la interacción entre el  $i$ -ésimo genotipo y el  $j$ -ésimo año, y  $e_{ijk}$ : efecto aleatorio del error experimental asociado al  $i$ -ésimo genotipo en el  $j$ -ésimo año, según el modelo lineal aditivo. En el Modelo II:  $Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + e_{ijk}$ , donde:  $Y_{ijk}$ : valor fenotípico del  $i$ -ésimo genotipo obtenido en el  $j$ -ésimo año,  $\mu$ : efecto de la media general,  $A_i$ : efecto aleatorio del  $i$ -ésimo genotipo,  $B_j$ : efecto aleatorio del  $j$ -ésimo año,  $(AB)_{ij}$ : efecto aleatorio de la interacción entre el  $i$ -ésimo genotipo y el  $j$ -ésimo año, y  $e_{ijk}$ : efecto aleatorio del error experimental asociado al  $i$ -ésimo genotipo en el  $j$ -ésimo año, según el modelo lineal aditivo.

Con el objetivo de comparar la precisión de diferentes modelos estadísticos se empleó también el procedimiento GLIMMIX. Este método considera un modelo lineal generalizado mixto, que utiliza el método de REML. En los modelos mixtos se consideró la media general como efecto fijo, el error como efecto aleatorio y los factores genotipos, años, y su interacción como efectos fijos o aleatorios, según el objetivo del análisis.

Para la comparación de los procedimientos GLM y GLIMMIX se usaron varios criterios de bondad de ajuste, basados en los estadísticos de Akaike y Bayesianos, que permitieron determinar el mejor modelo para analizar los datos. Como las mediciones se realizaron en las mismas plantas durante

tres años consecutivos, se debe tener en cuenta para obtener estimados más precisos, la presencia de medidas repetidas en el experimento. En esta situación se incumple con la premisa de independencia de errores, por lo que se debe especificar en el modelo la mejor estructura de covarianza.

Se empleó el procedimiento *MIXED* para seleccionar la estructura de covarianza que mejor ajustaba los datos, en cada uno de los caracteres, en las tres familias. Posteriormente, para la estimación de los componentes de la varianza se utilizó el procedimiento GLIMMIX. En este nuevo análisis se consideró el factor años como medida repetida y se especificó la estructura de covarianza que mejor ajustó el modelo. Todos los análisis se desarrollaron con el empleo del programa SAS v.9.3 (SAS Institute Inc. 2012).

### Determinación de la heredabilidad en sentido ancho

La heredabilidad en sentido ancho fue estimada para cada carácter medido, en cada una de las familias. Los valores de heredabilidad se obtuvieron con el empleo de la fórmula propuesta por (Cornide & al. 1985):  $h^2_b = \sigma^2_G / \sigma^2_F = \sigma^2_G / (\sigma^2_G + \sigma^2_A + \sigma^2_{G \times A} + \sigma^2_e)$ ,  $ES(h^2_b) = \sqrt{ES(\sigma^2_G) / \sigma^2_F}$ , donde:  $\sigma^2_F$ : varianza fenotípica,  $\sigma^2_G$ : varianza genética,  $\sigma^2_A$ : varianza de años,  $\sigma^2_{G \times A}$ : varianza de la interacción genotipo-año,  $\sigma^2_e$ : varianza del error,  $ES(h^2_b)$ : error estándar de la heredabilidad en sentido ancho, y  $ES(\sigma^2_G)$ : error estándar de la varianza genética.

Los estimados de heredabilidad en sentido ancho se calcularon con el empleo de los componentes de varianza obtenidos por Mínimos Cuadrados (procedimiento GLM) y por REML (procedimiento GLIMMIX). El error estándar de la heredabilidad en sentido ancho fue obtenido mediante la fórmula propuesta por Anderson & Bancroft (1952), y revisada por Becker (1984), la cual fue programada en Microsoft Excel (2016). Los valores de heredabilidad obtenidos se clasificaron de acuerdo al criterio de Ramírez & Egaña (2003). Los valores mayores que 0,50 fueron considerados altos, los valores entre 0,25 y 0,50 como medios y aquellos menores que 0,25 como bajos.

## RESULTADOS

### Estudio de los caracteres cuantitativos

Con el empleo de procedimiento *UNIVARIATE* se realizaron pruebas de bondad de ajuste a la distribución normal, las cuales indicaron que los caracteres analizados en cada una de las familias objeto de estudio, no se ajustaban a la distribución normal. Además, no se detectaron valores atípicos en los caracteres evaluados. Al comprobar el ajuste no normal de los caracteres en estudio, se procedió a realizar el procedimiento *SEVERITY*, que permitió determinar a cuál distribución de la familia exponencial se ajustaba cada carácter, en cada una de las familias. A partir de los criterios de selección, se determinó que en las tres familias los caracteres: largo y ancho de las hojas, altura de la planta, espesor interno de la pulpa, número de semillas y masa total de las semillas por fruto, así como, la masa del fruto (familia 2) y el largo del fruto (familia 3), se ajustaban mejor a una distribución Gamma. Sin embargo, los caracteres: ancho del fruto y espesor externo de la pulpa

(familias 1, 2 y 3), masa del fruto (familias 1 y 3) y el largo del fruto (familias 1 y 2) se ajustaban mejor a una distribución Log-normal (LogN).

#### Estimación de los componentes de la varianza

Los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I), realizados con el procedimiento GLM mostraron diferencias altamente significativas ( $p < 0,0001$ ) entre los genotipos, en todos los caracteres evaluados en las tres familias (Tablas I, II y III). Para la fuente de variación años se obtuvieron diferencias

significativas en la mayoría de los caracteres cuantitativos evaluados. Sin embargo, en los caracteres: largo y ancho de la hoja, masa total de las semillas por fruto, (familias 1, 2 y 3), número de semillas por fruto (familia 1) y espesor interno de la pulpa (familias 2 y 3) (Tablas I, II y III), no se observaron diferencias significativas entre los tres años. De igual forma, en la mayoría de los caracteres se observó una interacción genotipo-ambiente significativa, con excepción de los caracteres masa total de las semillas por fruto en la familia 1 y ancho de la hoja en la familia 2 (Tablas I, II y III).

**TABLA I**

**Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'N6'), con el empleo del procedimiento GLM**

**TABLE I**

**Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the bifactorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'N6'), with the GLM procedure**

Caracteres	Genotipos	Años	Gen x Años
Largo de la hoja	14,74 ( $p < 0,0001$ )	1,30 ( $p = 0,2738$ )	1,67 ( $p < 0,0001$ )
Ancho de la hoja	15,48 ( $p < 0,0001$ )	0,12 ( $p = 0,8912$ )	1,69 ( $p < 0,0001$ )
Altura de la planta	71,47 ( $p < 0,0001$ )	2100,42 ( $p < 0,0001$ )	11,46 ( $p < 0,0001$ )
Masa del fruto	10,64 ( $p < 0,0001$ )	95,12 ( $p < 0,0001$ )	2,76 ( $p < 0,0001$ )
Largo del fruto	13,52 ( $p < 0,0001$ )	121,31 ( $p < 0,0001$ )	2,69 ( $p < 0,0001$ )
Ancho del fruto	10,61 ( $p < 0,0001$ )	79,59 ( $p < 0,0001$ )	2,21 ( $p < 0,0001$ )
Espesor externo pulpa	9,85 ( $p < 0,0001$ )	42,37 ( $p < 0,0001$ )	2,06 ( $p < 0,0001$ )
Espesor interno pulpa	7,73 ( $p < 0,0001$ )	12,95 ( $p < 0,0001$ )	2,03 ( $p < 0,0001$ )
Número de semillas	11,40 ( $p < 0,0001$ )	1,67 ( $p = 0,1879$ )	1,25 ( $p = 0,0169$ )
Masa total semillas	15,46 ( $p < 0,0001$ )	0,11 ( $p = 0,8962$ )	1,09 ( $p = 0,2150$ )

**TABLA II**

**Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 2 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'Suprema Roja'), con el empleo del procedimiento GLM**

**TABLE II**

**Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the bifactorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 2 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'Suprema Roja'), with GLM procedure**

Caracteres	Genotipos	Años	Gen x Años
Largo de la hoja	11,74 ( $p < 0,0001$ )	1,24 ( $p = 0,2891$ )	1,42 ( $p = 0,0015$ )
Ancho de la hoja	16,75 ( $p < 0,0001$ )	1,18 ( $p = 0,3085$ )	1,10 ( $p = 0,2056$ )
Altura de la planta	123,42 ( $p < 0,0001$ )	5 253,63 ( $p < 0,0001$ )	10,68 ( $p < 0,0001$ )
Masa del fruto	8,73 ( $p < 0,0001$ )	46,46 ( $p < 0,0001$ )	3,64 ( $p < 0,0001$ )
Largo del fruto	12,44 ( $p < 0,0001$ )	37,68 ( $p < 0,0001$ )	2,55 ( $p < 0,0001$ )
Ancho del fruto	8,50 ( $p < 0,0001$ )	24,57 ( $p < 0,0001$ )	3,11 ( $p < 0,0001$ )
Espesor externo pulpa	9,40 ( $p < 0,0001$ )	46,91 ( $p < 0,0001$ )	1,81 ( $p < 0,0001$ )
Espesor interno pulpa	11,75 ( $p < 0,0001$ )	2,25 ( $p = 0,1055$ )	3,13 ( $p < 0,0001$ )
Número de semillas	10,94 ( $p < 0,0001$ )	9,90 ( $p < 0,0001$ )	1,62 ( $p < 0,0001$ )
Masa total semillas	25,05 ( $p < 0,0001$ )	1,27 ( $p = 0,2826$ )	1,89 ( $p < 0,0001$ )

En la Tabla IV se puede observar que la calidad de ajuste de los análisis de varianza bifactoriales, realizados con el procedimiento GLM, en las tres familias, no fue muy buena, pues se observaron valores de los coeficientes de determinación ( $r^2$ ) entre 0,50 y 0,71, los cuales no se encuentran muy cercanos a 1, pero explican más del 50 % del error total del experimento y garantizan la linealidad del modelo. Al no obtener una alta calidad de ajuste y los caracteres no cumplir con la premisa de normalidad de los datos, se desarrolló

el procedimiento GLIMMIX que realiza la determinación de la significación estadística de los factores por el método de REML. Los análisis de varianza bifactoriales de efectos fijos, realizados con el procedimiento GLIMMIX, mostraron diferencias significativas para las fuentes de variación Genotipos y Genotipos x Años, en todos los caracteres evaluados, mientras que entre los Años se observaron diferencias significativas en la mayoría de los caracteres en estudio, en las tres familias (Tablas V, VI y VII).

**TABLA III**

**Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza factoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 3 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'Belic L-207'), con el empleo del procedimiento GLM**

**TABLE III**

**Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the factorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 3 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' x 'Belic L-207'), with GLM procedure**

Caracteres	Genotipos	Años	Gen x Años
Largo de la hoja	13,88 (p < 0,0001)	1,13 (p = 0,3250)	1,71 (p = 0,0001)
Ancho de la hoja	17,16 (p < 0,0001)	2,21 (p = 0,1103)	1,54 (p = 0,0016)
Altura de la planta	70,21 (p < 0,0001)	2 560,01 (p < 0,0001)	13,51 (p < 0,0001)
Masa del fruto	8,83 (p < 0,0001)	28,36 (p < 0,0001)	2,46 (p < 0,0001)
Largo del fruto	11,43 (p < 0,0001)	17,62 (p < 0,0001)	2,33 (p < 0,0001)
Ancho del fruto	9,88 (p < 0,0001)	17,01 (p < 0,0001)	2,38 (p < 0,0001)
Espesor externo pulpa	7,77 (p < 0,0001)	15,90 (p < 0,0001)	1,96 (p < 0,0001)
Espesor interno pulpa	9,59 (p < 0,0001)	2,96 (p = 0,0523)	1,31 (p = 0,0349)
Número de semillas	11,11 (p < 0,0001)	8,05 (p = 0,0004)	1,53 (p = 0,0018)
Masa total semillas	19,30 (p < 0,0001)	1,55 (p = 0,2127)	1,44 (p = 0,0067)

**TABLA IV**

**Valores del estadístico de ajuste ( $r^2$ ) obtenidos en los análisis de varianza factoriales (Modelo I), realizados con el empleo del procedimiento GLM, en las tres familias de guayabo (*Psidium guajava*)**

**TABLE IV**

**Values of the fit statistic obtained from the factorial analysis of variance (Model I), with GLM procedure, in the three guava families (*Psidium guajava*)**

Caracteres	Familia 1 ( 'EEA 18-40' x 'N6' )	Familia 2 ( 'EEA 18-40' x 'Suprema Roja' )	Familia 3 ( 'EEA 18-40' x 'Belic L-207' )
Largo de la hoja	0,60	0,55	0,59
Ancho de la hoja	0,61	0,61	0,62
Altura de la planta	0,70	0,71	0,69
Masa del fruto	0,60	0,59	0,55
Largo del fruto	0,64	0,60	0,58
Ancho del fruto	0,58	0,56	0,56
Espesor externo pulpa	0,55	0,54	0,50
Espesor interno pulpa	0,50	0,59	0,50
Número de semillas	0,53	0,54	0,54
Masa total de semillas	0,59	0,70	0,64

TABLA V

Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'N6'), con el empleo del procedimiento GLIMMIX

TABLE V

Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the bifactorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'N6'), with GLIMMIX procedure

Caracteres	Genotipos	Años	Gen × Años
Largo de la hoja	17,36 (p < 0,0001)	1,54 (p = 0,2143)	1,99 (p < 0,0001)
Ancho de la hoja	18,96 (p < 0,0001)	0,12 (p = 0,8719)	2,04 (p < 0,0001)
Altura de la planta	77,95 (p < 0,0001)	2 220,43 (p < 0,0001)	16,16 (p < 0,0001)
Masa del fruto	12,61 (p < 0,0001)	100,74 (p < 0,0001)	2,65 (p < 0,0001)
Largo del fruto	14,15 (p < 0,0001)	118,59 (p < 0,0001)	2,61 (p < 0,0001)
Ancho del fruto	10,67 (p < 0,0001)	79,21 (p < 0,0001)	2,18 (p < 0,0001)
Espesor externo pulpa	10,06 (p < 0,0001)	41,52 (p < 0,0001)	1,95 (p < 0,0001)
Espesor interno pulpa	9,41 (p < 0,0001)	16,45 (p < 0,0001)	2,48 (p < 0,0001)
Número de semillas	11,87 (p < 0,0001)	2,81 (p = 0,0606)	1,41 (p = 0,0005)
Masa total semillas	15,15 (p < 0,0001)	0,32 (p = 0,7241)	1,23 (p = 0,0258)

TABLA VI

Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 2 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'Suprema Roja'), con el empleo del procedimiento GLIMMIX

TABLE VI

Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the bifactorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 2 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'Suprema Roja'), with GLIMMIX procedure

Caracteres	Genotipos	Años	Gen × Años
Largo de la hoja	14,47 (p < 0,0001)	1,19 (p = 0,3052)	1,74 (p < 0,0001)
Ancho de la hoja	21,42 (p < 0,0001)	1,29 (p = 0,2750)	1,39 (p = 0,0032)
Altura de la planta	129,23 (p < 0,0001)	5 402,13 (p < 0,0001)	12,97 (p < 0,0001)
Masa del fruto	10,42 (p < 0,0001)	47,27 (p < 0,0001)	3,86 (p < 0,0001)
Largo del fruto	12,13 (p < 0,0001)	34,33 (p < 0,0001)	2,52 (p < 0,0001)
Ancho del fruto	12,13 (p < 0,0001)	34,33 (p < 0,0001)	2,52 (p < 0,0001)
Espesor externo pulpa	9,63 (p < 0,0001)	42,77 (p < 0,0001)	1,83 (p < 0,0001)
Espesor interno pulpa	14,49 (p < 0,0001)	2,69 (p = 0,0684)	3,69 (p < 0,0001)
Número de semillas	15,58 (p < 0,0001)	10,21 (p < 0,0001)	2,07 (p < 0,0001)
Masa total semillas	21,78 (p < 0,0001)	0,89 (p = 0,4113)	2,05 (p < 0,0001)

En la Tabla VIII se muestran los valores de los estadísticos de ajuste obtenidos en los procedimientos GLIMMIX, cuando se consideraron los factores fijos o aleatorios, y se especificó el factor años como medida repetida y la estructura de covarianza Toeplitz (TOEP), en el carácter masa del fruto, en la familia 1. Se pudo apreciar que los menores valores de los criterios de ajuste se detectaron cuando se empleó el procedimiento GLIMMIX, y se especificó el factor

años como medida repetida y la estructura de covarianza TOEP, por lo que se selecciona este como el mejor modelo para estimar con mayor precisión la significación estadística de los factores, los componentes de la varianza y otros parámetros genético-estadísticos. El mismo resultado se observó en los diez caracteres cuantitativos evaluados en las tres familias de hermanos completos.

**TABLA VII**

Valores del estadístico F (y probabilidades asociadas) obtenidos en los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados para los caracteres evaluados en la familia 3 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Belic L-207’), con el empleo del procedimiento GLIMMIX

**TABLE VII**

Values of F statistics (and associated probabilities) obtained from the bifactorial analysis of variance (Model I) for the traits evaluated in family 3 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Belic L-207’), with GLIMMIX procedure

Caracteres	Genotipos	Años	Gen × Años
Largo de la hoja	17,23 (p < 0,0001)	1,23 (p = 0,2918)	2,07 (p < 0,0001)
Ancho de la hoja	21,82 (p < 0,0001)	2,23 (p = 0,1085)	2,01 (p < 0,0001)
Altura de la planta	73,1 (p < 0,0001)	2 847,1 (p < 0,0001)	9,8 (p < 0,0001)
Masa del fruto	9,81 (p < 0,0001)	22,80 (p < 0,0001)	2,50 (p < 0,0001)
Largo del fruto	14,64 (p < 0,0001)	19,91 (p < 0,0001)	2,84 (p < 0,0001)
Ancho del fruto	9,77 (p < 0,0001)	15,49 (p < 0,0001)	2,40 (p < 0,0001)
Espesor externo pulpa	7,94 (p < 0,0001)	10,98 (p < 0,0001)	1,92 (p < 0,0001)
Espesor interno pulpa	13,36 (p < 0,0001)	4,29 (p = 0,0141)	1,76 (p < 0,0001)
Número de semillas	12,52 (p < 0,0001)	7,74 (p = 0,0005)	1,76 (p < 0,0001)
Masa total semillas	15,95 (p < 0,0001)	1,97 (p = 0,1405)	1,61 (p = 0,0005)

**TABLA VIII**

Estadísticos de ajuste obtenidos con los procedimientos GLM y GLIMMIX, al considerar los factores fijos o aleatorios, especificar la estructura de covarianza Toeplitz (TOEP) y considerar el factor Años como medida repetida (MR). Se muestran los resultados del carácter masa del fruto en la familia 1 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘N6’)

**TABLE VIII**

Values of the fit statistics obtained with GLM and GLIMMIX procedures, when considering fixed or random factors, specify the Toeplitz (TOEP) covariance structure and considering the years factor as a repeated measure (MR). The results of the mass of the fruit in family 1 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘N6’) are shown

Estadísticos de ajuste	GLM Factores fijos	GLIMMIX Factores fijos	GLIMMIX Factores fijos, TOEP, MR	GLM Factores aleatorios	GLIMMIX Factores aleatorios	GLIMMIX Factores aleatorios, TOEP, MR
Verosimilitud	12 864,2	489,8	489,8	12 131,9	472,4	472,4
AIC	12 866,2	1 079,8	493,8	12 139,9	482,4	480,4
AICC	12 866,2	1 278,3	493,8	12 140,0	482,4	480,4
BIC	12 871,3	2 575,4	492,0	12 150,3	495,7	490,3

Cuando se especificaron los factores como efectos aleatorios, se pudieron estimar los componentes de la varianza y sus errores estándar. En las Tablas IX, X y XI se pueden observar los valores de los componentes de la varianza estimados, a partir del método de Mínimos Cuadrados por el procedimiento GLM y con el método de REML por el procedimiento GLIMMIX, cuando se especificó la estructura de covarianza TOEP y el factor años como medida repetida. Se obtuvieron resultados similares por ambos métodos, pero los errores estándar fueron menores cuando se empleó el procedimiento GLIMMIX.

Los componentes de varianza genética obtenidos por los dos métodos, tuvieron una mayor contribución a la varianza total, que los componentes de varianza ambiental y de interacción genotipo-ambiente, en todos los caracteres analizados en las tres familias de hermanos completos, con excepción de la altura de la planta. En este último carácter, los estimados de la varianza ambiental tuvieron mayor contribución a la varianza fenotípica que los restantes componentes, en las tres familias (Tablas IX, X y XI). En los caracteres: masa y ancho del fruto, los estimados de la varianza de la interacción genotipo-años fueron mayores que los de la varianza genética en la familia 2, cuando se empleó el procedimiento GLM (Tabla X).

En las tres familias se obtuvieron estimados de valor cero del componente de varianza ambiental, en los caracteres: largo de la hoja y masa total de las semillas por fruto, así como para el ancho de la hoja (familia 1), el espesor interno de la pulpa (familia 2), por ambos procedimientos (GLM y GLIMMIX) y en el carácter ancho de la hoja (familia 2),

solamente con el procedimiento GLM. En los caracteres con estimados nulos de un componente de varianza, no se calculó el error estándar de dicho componente. Los valores de la varianza de la interacción tuvieron poca contribución a la variabilidad total, en la mayoría de los caracteres.

TABLA IX

**Componentes de varianzas, errores estándar y contribución (%) de cada componente, estimados para los caracteres evaluados en la familia 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'N6'), con el empleo de los procedimientos GLM y GLIMMIX, por el método de Máxima Verosimilitud Restringida**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Componente de varianza genética,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Componente de varianza ambiental,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Componente de varianza de interacción genotipo-ambiente,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Componente de varianza del error, LH: Largo de la hoja, AH: Ancho de la hoja, ALT: Altura de la planta, MF: Masa del fruto, LF: Largo del fruto, AF: Ancho del fruto, EEP: Espesor externo de la pulpa, EIP: Espesor interno de la pulpa, NSEM: Número de semillas, MTSEM: Masa total de las semillas.

TABLE IX

**Variance components, standard errors and contribution (%) of each component, estimated for the traits evaluated in family 1 (*Psidium guajava* 'EEA 18-40' × 'N6'), using the GLM and GLIMMIX procedures, by the Restricted Maximum Likelihood method**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Component of the genetic variance,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Component of the environmental variance,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Component of the genotype-environment interaction variance,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Component of the error variance, LH: Leaf length, AH: Leaf width, ALT: Plant Height, MF: Fruit mass, LF: Fruit length, AF: Fruit width, EEP: Pulp outer thickness, EIP: Pulp inner thickness, NSEM: Number of seeds, MTSEM: Seed's total mass.

Caracteres	Procedimiento GLM (Mínimos cuadrados)				Procedimiento GLIMMIX (REML)			
	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$
LH	153,4 ± 24,91 (43,50 %)	0,00 ± 0,47 (0 %)	23,33 ± 6,13 (6,62 %)	175,96 ± 7,26 (49,88 %)	0,008 ± 0,001 (42,88 %)	0,00 ± 0,00 (0 %)	0,0012 ± 0,0003 (6,44 %)	0,0095 ± 0,0004 (50,68 %)
AH	39,12 ± 6,32 (44,70 %)	0,00 ± 0,018 (0 %)	5,85 ± 1,50 (6,68 %)	42,54 ± 1,75 (48,61 %)	0,009 ± 0,001 (44,90 %)	0,00 ± 0,00 (0 %)	0,0013 ± 0,0003 (6,33 %)	0,0098 ± 0,0004 (48,77 %)
ALT	0,16 ± 0,08 (34,04 %)	0,18 ± 2,15 (37,45 %)	0,056 ± 0,008 (11,91 %)	0,078 ± 0,004 (16,50 %)	0,019 ± 0,00 (32,51 %)	0,02 ± 0,02 (34,65 %)	0,014 ± 0,00 (23,69 %)	0,01 ± 0,00 (9,15 %)
MF	1158,1 ± 228,3 (25,44 %)	415,75 ± 428,16 (9,13 %)	774,97 ± 124,81 (17,01 %)	2205,51 ± 90,95 (48,42 %)	0,039 ± 0,007 (30,25 %)	0,012 ± 0,012 (9,12 %)	0,020 ± 0,003 (15,06 %)	0,06 ± 0,002 (45,57 %)
LF	44,30 ± 8,02 (31,34 %)	14,86 ± 15,20 (10,51 %)	20,80 ± 3,40 (14,71 %)	61,38 ± 2,53 (43,43 %)	0,009 ± 0,002 (33,03 %)	0,003 ± 0,003 (10,17 %)	0,004 ± 0,001 (13,87 %)	0,012 ± 0,0004 (42,94 %)
AF	18,88 ± 3,46 (28,58 %)	5,32 ± 5,48 (8,06 %)	8,15 ± 1,54 (12,33 %)	33,71 ± 1,39 (51,03 %)	0,004 ± 0,001 (28,88 %)	0,001 ± 0,001 (8,02 %)	0,002 ± 0,000 (12,07 %)	0,007 ± 0,0003 (51,03 %)
EEP	2,68 ± 0,49 (28,63 %)	0,42 ± 0,45 (4,53 %)	1,09 ± 0,22 (11,71 %)	5,15 ± 0,21 (55,13 %)	0,015 ± 0,003 (29,84 %)	0,002 ± 0,002 (4,46 %)	0,005 ± 0,001 (10,51 %)	0,028 ± 0,001 (55,19 %)
EIP	5,94 ± 1,17 (23,66 %)	0,35 ± 0,41 (1,39 %)	3,20 ± 0,65 (12,75 %)	15,61 ± 0,644 (62,19 %)	0,004 ± 0,001 (23,43 %)	0,002 ± 0,00 (1,44 %)	0,002 ± 0,00 (12,75 %)	0,010 ± 0,0004 (62,37 %)
NSEM	5281,8 ± 854,4 (39,17 %)	6,74 ± 26,74 (0,05 %)	391,69 ± 208,40 (2,91 %)	7802,52 ± 321,77 (57,87 %)	0,070 ± 0,00 (38,95 %)	0,002 ± 0,00 (0,13 %)	0,070 ± 0,00 (3,78 %)	0,103 ± 0,00 (57,14 %)
MTSEM	0,75 ± 0,12 (48,51 %)	0,00 ± 0,00 (0 %)	0,01 ± 0,02 (0,87 %)	0,78 ± 0,03 (50,61 %)	0,060 ± 0,009 (45,54 %)	0,00 ± 0,00 (0 %)	0,001 ± 0,001 (0,81 %)	0,071 ± 0,003 (53,65 %)



**TABLA X**

**Componentes de varianzas, errores estándar y contribución (%) de cada componente, estimados para los caracteres evaluados en la familia 2 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Suprema Roja’), con el empleo de los procedimientos GLM y GLIMMIX, por el método de Máxima Verosimilitud Restringida**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Componente de varianza genética,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Componente de varianza ambiental,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Componente de varianza de interacción genotipo-ambiente,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Componente de varianza del error, LH: Largo de la hoja, AH: Ancho de la hoja, ALT: Altura de la planta, MF: Masa del fruto, LF: Largo del fruto, AF: Ancho del fruto, EEP: Espesor externo de la pulpa, EIP: Espesor interno de la pulpa, NSEM: Número de semillas, MTSEM: Masa total de las semillas.

**TABLE X**

**Variance components, standard errors and contribution (%) of each component, estimated for the characters evaluated in family 2 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Suprema Roja’), using the GLM and GLIMMIX procedures, by the Restricted Maximum Likelihood method**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Component of the genetic variance,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Component of the environmental variance,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Component of the genotype-environment interaction variance,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Component of the error variance, LH: Leaf length, AH: Leaf width, ALT: Plant Height, MF: Fruit mass, LF: Fruit length, AF: Fruit width, EEP: Pulp outer thickness, EIP: Pulp inner thickness, NSEM: Number of seeds, MTSEM: Seed's total mass.

Caracteres	Procedimiento GLM (Mínimos cuadrados)				Procedimiento GLIMMIX (REML)			
	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$
LH	128,08 ± 24,05 (38,79 %)	0,00 ± 0,62 (0,00 %)	15,83 ± 6,42 (4,79 %)	186,25 ± 8,78 (56,41 %)	0,007 ± 0,001 (51,28 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,0009 ± 0,0004 (1,30 %)	0,010 ± 0,0005 (47,42 %)
AH	46,34 ± 8,16 (50,65 %)	0,09 ± 0,14 (0,01 %)	0,92 ± 1,21 (1,00 %)	44,23 ± 2,09 (48,34 %)	0,012 ± 0,002 (51,37 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,0003 ± 0,0003 (1,14 %)	0,012 ± 0,0005 (47,50 %)
ALT	0,13 ± 0,07 (30,09 %)	0,25 ± 2,69 (55,97 %)	0,027 ± 0,004 (5,97 %)	0,036 ± 0,002 (7,96 %)	0,014 ± 0,00 (30,12 %)	0,03 ± 0,03 (55,96 %)	0,00 ± 0,00 (9,12 %)	0,002 ± 0,00 (4,81 %)
MF	673,50 ± 197,94 (17,13 %)	226,50 ± 245,77 (5,76 %)	1047,46 ± 168,92 (26,65 %)	1983,48 ± 93,50 (50,46 %)	0,02 ± 0,01 (19,20 %)	0,01 ± 0,01 (5,14 %)	0,02 ± 0,004 (23,49 %)	0,055 ± 0,003 (52,17 %)
LF	40,16 ± 8,39 (31,95 %)	5,71 ± 6,12 (4,54 %)	18,92 ± 3,66 (15,05 %)	60,93 ± 2,87 (48,47 %)	0,01 ± 0,001 (31,57 %)	0,001 ± 0,001 (4,18 %)	0,003 ± 0,000 (14,98 %)	0,011 ± 0,001 (49,27 %)
AF	10,54 ± 2,82 (19,57 %)	0,68 ± 0,92 (3,11 %)	12,34 ± 2,13 (22,92 %)	29,29 ± 1,38 (54,40 %)	0,002 ± 0,00 (20,26 %)	0,003 ± 0,000 (2,68 %)	0,002 ± 0,000 (22,24 %)	0,006 ± 0,0002 (54,82 %)
EEP	2,48 ± 0,51 (28,28 %)	0,59 ± 0,61 (6,72 %)	0,80 ± 0,21 (9,10 %)	4,90 ± 0,23 (55,90 %)	0,012 ± 0,003 (28,94 %)	0,002 ± 0,002 (6,08 %)	0,004 ± 0,001 (9,29 %)	0,024 ± 0,001 (55,70 %)
EIP	8,19 ± 1,87 (28,70 %)	0,00 ± 0,09 (0,00 %)	6,08 ± 1,05 (21,32 %)	14,26 ± 0,67 (49,27 %)	0,006 ± 0,001 (29,84 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,004 ± 0,00 (20,47 %)	0,011 ± 0,0005 (49,70 %)
NSEM	3350,26 ± 650,03 (35,16 %)	119,09 ± 142,41 (1,25 %)	668,57 ± 209,32 (7,02 %)	5390,86 ± 254,13 (56,57 %)	0,09 ± 0,02 (40,81 %)	0,002 ± 0,003 (1,03 %)	0,02 ± 0,005 (8,81 %)	0,104 ± 0,005 (49,35 %)
MTSEM	1,04 ± 0,19 (56,73 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,12 ± 0,03 (6,53 %)	0,678 ± 0,03 (36,74 %)	0,0097 ± 0,018 (51,06 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,014 ± 0,003 (7,32 %)	0,079 ± 0,004 (41,63 %)

A partir de los resultados obtenidos con los dos procedimientos, se pudo determinar que en la mayoría de caracteres cuantitativos medidos en las tres familias de hermanos completos de guayabo, la variabilidad fenotípica observada en los diferentes genotipos, fue debida en mayor parte a la variabilidad genotípica. En el carácter altura de la planta, la varianza ambiental tuvo una mayor contribución a la variabilidad total.

**Determinación de la heredabilidad en sentido ancho**

A partir de los componentes de la varianza estimados por el método de Mínimos Cuadrados, con el procedimiento GLM y el método de REML, con el procedimiento GLIMMIX, se obtuvieron estimados muy variables de heredabilidad en sentido ancho para todos los caracteres evaluados en las tres familias de hermanos completos, los cuales mostraron mayormente

valores medios en las tres familias (Tabla XII). Los valores de heredabilidad en sentido ancho obtenidos por ambos métodos fueron muy similares, pero los estimados fueron más precisos cuando se empleó el procedimiento GLIMMIX, pues se obtuvieron menores valores de los errores estándar, resultado que coincide con los obtenidos para los estadísticos de ajuste.

En la familia 1, la mayoría de los caracteres presentaron valores medios de heredabilidad en sentido ancho, con excepción del espesor interno de la pulpa que mostró un valor bajo de heredabilidad, por ambos procedimientos. En el carácter masa total de las semillas por fruto se obtuvieron estimados altos en las familias 2 y 3, al igual que en el ancho de la hoja en la familia 2.

**TABLA XI**

**Componentes de varianza, errores estándar y contribución (%) de cada componente, estimados para los caracteres evaluados en la familia 3 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Belic-207’), con el empleo de los procedimientos GLM y GLIMMIX, por el método de Máxima Verosimilitud Restringida**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Componente de varianza genética,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Componente de varianza ambiental,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Componente de varianza de interacción genotipo-ambiente,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Componente de varianza del error, LH: Largo de la hoja, AH: Ancho de la hoja, ALT: Altura de la planta, MF: Masa del fruto, LF: Largo del fruto, AF: Ancho del fruto, EEP: Espesor externo de la pulpa, EIP: Espesor interno de la pulpa, NSEM: Número de semillas, MTSEM: Masa total de las semillas.

**TABLE XI**

**Variance components, standard errors and contribution (%) of each component, estimated for the characters evaluated in family 3 (*Psidium guajava* ‘EEA 18-40’ × ‘Belic-207’), using the GLM and GLIMMIX procedures by the Restricted Maximum Likelihood method**

$\hat{\sigma}_G^2$ : Component of the genetic variance,  $\hat{\sigma}_A^2$ : Component of the environmental variance,  $\hat{\sigma}_{G \times A}^2$ : Component of the genotype-environment interaction variance,  $\hat{\sigma}_{error}^2$ : Component of the error variance, LH: Leaf length, AH: Leaf width, ALT: Plant Height, MF: Fruit mass, LF: Fruit length, AF: Fruit width, EEP: Pulp outer thickness, EIP: Pulp inner thickness, NSEM: Number of seeds, MTSEM: Seed's total mass.

Caracteres	Procedimiento GLM (Mínimos cuadrados)				Procedimiento GLIMMIX (REML)			
	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{G \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{error}^2$
LH	139,11 ± 32,50 (41,57 %)	0,00 ± 0,80 (0,00 %)	24,19 ± 8,67 (7,23 %)	171,37 ± 9,99 (51,21 %)	0,01 ± 0,00 (42,26 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,001 ± 0,00 (6,85 %)	0,009 ± 0,001 (50,89 %)
AH	32,30 ± 8,58 (44,22 %)	0,10 ± 0,33 (0,14 %)	3,96 ± 1,69 (5,42 %)	36,69 ± 2,14 (50,22 %)	0,01 ± 0,00 (48,68 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,001 ± 0,00 (5,63 %)	0,016 ± 0,001 (45,69 %)
ALT	0,077 ± 0,057 (20,92 %)	0,21 ± 1,83 (57,88 %)	0,039 ± 0,007 (10,60 %)	0,039 ± 0,003 (10,60 %)	0,009 ± 0,002 (21,53 %)	0,02 ± 0,02 (57,02 %)	0,01 ± 0,00 (15,08 %)	0,003 ± 0,00 (6,37 %)
MF	647,72 ± 186,69 (23,32 %)	161,23 ± 176,53 (5,80 %)	444,04 ± 109,56 (15,99 %)	1524,85 ± 88,93 (54,89 %)	0,02 ± 0,01 (26,07 %)	0,004 ± 0,005 (4,43 %)	0,02 ± 0,004 (16,04 %)	0,05 ± 0,003 (53,46 %)
LF	40,63 ± 12,86 (31,35 %)	5,11 ± 5,89 (3,23 %)	21,75 ± 5,58 (13,74 %)	81,85 ± 4,77 (51,69 %)	0,01 ± 0,002 (32,52 %)	0,001 ± 0,00 (2,90 %)	0,003 ± 0,000 (13,24 %)	0,01 ± 0,001 (51,33 %)
AF	12,94 ± 3,53 (27,23 %)	1,55 ± 1,80 (3,25 %)	7,16 ± 1,81 (15,06 %)	25,88 ± 1,51 (54,46 %)	0,003 ± 0,00 (26,92 %)	0,0003 ± 0,000 (2,93 %)	0,002 ± 0,000 (15,35 %)	0,01 ± 0,0004 (54,80 %)
EEP	1,71 ± 0,48 (23,67 %)	0,25 ± 0,29 (3,48 %)	0,85 ± 0,26 (11,72 %)	4,43 ± 0,26 (61,13 %)	0,01 ± 0,003 (24,76 %)	0,001 ± 0,002 (2,28 %)	0,005 ± 0,001 (11,31 %)	0,03 ± 0,002 (61,65 %)
EIP	9,04 ± 2,15 (34,09 %)	0,11 ± 0,20 (0,42 %)	1,01 ± 0,65 (3,79 %)	16,37 ± 0,94 (61,70 %)	0,008 ± 0,000 (35,87 %)	0,0001 ± 0,000 (0,47 %)	0,001 ± 0,000 (4,42 %)	0,01 ± 0,00 (59,23 %)
NSEM	2556,38 ± 608,10 (36,04 %)	106,47 ± 131,54 (1,50 %)	425,11 ± 183,01 (5,99 %)	4004,26 ± 233,53 (56,46 %)	0,06 ± 0,02 (36,72 %)	0,002 ± 0,003 (1,25 %)	0,012 ± 0,005 (6,58 %)	0,10 ± 0,006 (55,45 %)
MTSEM	0,58 ± 0,13 (52,25 %)	0,00 ± 0,00 (0,00 %)	0,04 ± 0,02 (3,85 %)	0,4902 ± 0,03 (43,89 %)	0,06 ± 0,01 (44,90 %)	0,0002 ± 0,0004 (0,17 %)	0,007 ± 0,003 (4,87 %)	0,071 ± 0,004 (50,06 %)

**TABLA XII**

**Estimados de heredabilidad en sentido ancho ( $h^2_b$ ) y sus errores estándar (EE), de los caracteres evaluados en las tres familias de guayabo (*Psidium guajaba*)**

LH: Largo de la hoja, AH: Ancho de la hoja, ALT: Altura de la planta, MF: Masa del fruto, LF: Largo del fruto, AF: Ancho del fruto, EEP: Espesor externo de la pulpa, EIP: Espesor interno de la pulpa, NSEM: Número de semillas, MTSEM: Masa total de las semillas, GLM: procedimiento GLM, GLIMMIX: procedimiento GLIMMIX

**TABLE XII**

**Estimates of heritability in broad sense ( $h^2_b$ ) and its standard errors (EE), of the traits evaluated in the three families of guava (*Psidium guajaba*)**

LH: Leaf length, AH: Leaf width, ALT: Plant height, MF: Fruit mass, LF: Fruit length, AF: Fruit width, EEP: pulp outer thickness, EIP: Pulp inner thickness, NSEM: Number of seeds, MTSEM: Seed's total mass, GLM: GLM procedure, GLIMMIX: GLIMMIX procedure

Caracteres evaluados	Familia 1 (‘EEA 18-40’ × ‘N6’)		Familia 2 (‘EEA 18-40’ × ‘Suprema Roja’)		Familia 3 (‘EEA 18-40’ × Belic -207’)	
	GLM	GLIMMIX	GLM	GLIMMIX	GLM	GLIMMIX
	$h^2_b \pm EE$	$h^2_b \pm EE$	$h^2_b \pm EE$	$h^2_b \pm EE$	$h^2_b \pm EE$	$h^2_b \pm EE$
LH	0,435 ± 0,270	0,429 ± 0,070	0,388 ± 0,278	0,390 ± 0,070	0,416 ± 0,368	0,443 ± 0,098
AH	0,447 ± 0,139	0,449 ± 0,073	0,506 ± 0,340	0,514 ± 0,088	0,442 ± 0,413	0,487 ± 0,110
ALT	0,340 ± 0,171	0,325 ± 0,060	0,301 ± 0,160	0,301 ± 0,055	0,290 ± 0,154	0,215 ± 0,056
MF	0,254 ± 0,192	0,302 ± 0,056	0,171 ± 0,192	0,192 ± 0,052	0,233 ± 0,255	0,261 ± 0,073
LF	0,313 ± 0,218	0,330 ± 0,059	0,319 ± 0,255	0,316 ± 0,066	0,313 ± 0,308	0,325 ± 0,083
AF	0,286 ± 0,201	0,289 ± 0,053	0,196 ± 0,200	0,203 ± 0,053	0,272 ± 0,282	0,269 ± 0,074
EEP	0,287 ± 0,201	0,298 ± 0,054	0,283 ± 0,220	0,289 ± 0,059	0,237 ± 0,248	0,248 ± 0,068
EIP	0,237 ± 0,179	0,234 ± 0,046	0,287 ± 0,250	0,298 ± 0,067	0,341 ± 0,307	0,359 ± 0,080
NSEM	0,392 ± 0,243	0,389 ± 0,060	0,352 ± 0,261	0,408 ± 0,078	0,360 ± 0,325	0,367 ± 0,087
MTSEM	0,485 ± 0,298	0,455 ± 0,074	0,567 ± 0,386	0,511 ± 0,100	0,523 ± 0,438	0,450 ± 0,116

Los restantes caracteres evaluados en las familias 2 y 3 mostraron valores medios de heredabilidad, con excepción de la masa del fruto (familias 2 y 3), la altura de la planta (familia 3), el ancho del fruto (familia 2), y el espesor externo de la pulpa (familia 3), que exhibieron valores bajos (Tabla XII).

**DISCUSIÓN**

En las investigaciones agrícolas con frecuencia los datos no satisfacen las premisas de los modelos lineales generales y mixtos en cuanto a la distribución normal de la variable respuesta, la independencia de las observaciones y la homogeneidad de varianza. Es por ello, que el primer paso consiste en el estudio de los caracteres empleados (Bandera 2018). Los procedimientos *UNIVARIATE* y *SEVERITY* se emplearon para verificar el ajuste de los datos a la distribución normal, detectar la presencia de valores atípicos y determinar la distribución de ajuste de los datos en cada carácter, en las tres familias de hermanos completos de guayabo.

Tabachnick & Fidell (2007) plantearon que, aunque las transformaciones de los datos son recomendadas como una alternativa para lograr el cumplimiento de las premisas de normalidad, linealidad y homocedasticidad, no son recomendadas universalmente, debido a que cuando se transforman las variables, a veces son difíciles de interpretar.

Los datos no normales pueden ser producto de una mezcla de múltiples distribuciones o procesos, o que se ajusten a otro tipo de distribución no normal. Una forma de analizarlos es identificar la distribución apropiada de los mismos, por ejemplo: Log-normal, Weibull, Exponencial, Gamma, entre otras; según el tipo de variable discreta o continua (McDonald 2014). La falta de normalidad en los datos conlleva muchas veces a la presencia de heterogeneidad de varianzas, otra de las premisas que se debe cumplir para poder desarrollar el análisis de varianza.

Para seleccionar la distribución a la cual se ajusta cada carácter, el procedimiento tiene en cuenta los valores de los estadísticos de ajuste de Akaike (AIC, AICC) y Bayesiano (BIC) y se selecciona la distribución con el menor valor de tales estadísticos (SAS/STAT 2017). Según Balzarini & *al.* (2005), el modelo que mejor explica los datos con el mínimo número de parámetros es el que presenta más bajo valor de AIC y altos valores de BIC que están asociados con mayores errores de tipo II, mientras que bajos valores de BIC y AIC indican un mejor ajuste del modelo.

Los análisis de varianza bifactoriales (Modelo I) desarrollados con los procedimientos GLM y GLIMMIX, detectaron diferencias significativas entre los genotipos para todos los caracteres

evaluados en las tres familias de hermanos completos del guayabo estudiadas. Estas diferencias indicaron la presencia de variabilidad genética significativa en las familias analizadas, por lo que la ganancia genética a través del mejoramiento y la selección es factible. El conocimiento de la variabilidad genética es fundamental en los programas de mejoramiento, ya que indica el rango de variación genética de los cultivares y permite seleccionar genotipos que presenten características de interés para disímiles propósitos (Cruz & al. 2012).

Otros autores también han detectado alta variabilidad genética al evaluar algunos de los caracteres del fruto empleados en este estudio, en accesiones de guayabo del banco de germoplasma cubano (Valdés-Infante 2009, Rodríguez & al. 2010b) y en poblaciones resultantes de cruzamientos intraespecíficos en Cuba (Pérez 2013), con el empleo de los modelos tradicionales de análisis de varianza. Paiva & al. (2016), en Brasil utilizaron modelos estadísticos similares a los empleados en este trabajo, y encontraron una mayor variabilidad genética en caracteres como: producción total (número de frutos por planta  $\times$  peso del fruto), espesor de la cáscara, rendimiento de la pulpa, relación entre la longitud y el diámetro del fruto, contenido de sólidos solubles y grosor de la pulpa, en familias de hermanos completos de guayabo.

Con relación a la fuente de variación ambiental, en esta investigación se refiere al efecto de los años, se detectaron diferencias entre los mismos en algunos de los caracteres evaluados en las tres familias, con ambos procedimientos, lo que justifica el empleo de esta fuente de variación, como uno de los factores del análisis bifactorial realizado. En los caracteres que no se detectaron diferencias significativas entre los tres años, esto indica que estuvieron menos influenciados por las variaciones que pudieron ocurrir en los años de evaluación. En los caracteres donde se detectó una interacción significativa, se manifestó un comportamiento diferencial de los genotipos en el tiempo, pues al evaluarse en una sola localidad, los años de evaluación constituyeron los ambientes, lo que contribuye de forma significativa para la selección de genotipos que resulten de interés para su posterior generalización.

En los estudios longitudinales en el tiempo, las medidas repetidas tienden a estar correlacionadas porque se realizan sobre el mismo individuo y pueden ser modeladas por las medias de las estructuras de varianza y la covarianza del error (Marigule & al. 2012). Pérez & al. (2019) determinaron, con el procedimiento *MIXED*, que la estructura de covarianza que mejor ajustaba a los datos de este trabajo al tener en cuenta las medidas repetidas, fue la estructura de covarianza TOEP. Esta estructura asume que dos observaciones cualesquiera de un individuo dado, con la misma diferencia de tiempo, están igualmente correlacionadas, y que la correlación no disminuye exponencialmente con el tiempo. Los análisis con medidas repetidas son tan robustos como el modelo de covarianza empleado sea aproximadamente correcto (Littell & al. 2006).

El procedimiento GLIMMIX, con la especificación del factor años como medida repetida y la estructura de covarianza

TOEP, se seleccionó como el mejor modelo para estimar con mayor precisión la significación estadística de los factores, los componentes de la varianza y otros parámetros genético-estadísticos en el presente estudio.

A partir de los resultados obtenidos con los dos procedimientos (GLM y GLIMMIX, con las especificaciones anteriores), se pudo determinar que, en los caracteres cuantitativos medidos en las tres familias de hermanos completos de guayabo, la variabilidad fenotípica observada en los diferentes genotipos, fue debida en mayor parte a la variabilidad genotípica, con excepción del carácter altura de la planta, donde la varianza ambiental tuvo una mayor contribución a la variabilidad total.

Farias-Neto & Resende (2001) realizaron la estimación de componentes de varianza por ANOVA y REML en progenies de medios hermanos de la palma de aceite (*Bactris gasipaes* Kunth), también con datos desbalanceados. Estos autores obtuvieron estimados diferentes por ambos métodos, en algunos de los caracteres evaluados, donde se observaron estimados negativos por el ANOVA y no por REML; y concluyeron que con el método REML se obtenían mejores estimados de los parámetros genéticos cuando los datos están desbalanceados.

En nuestro estudio, los valores de heredabilidad en sentido ancho, obtenidos a partir de los componentes de la varianza, estimados por el método de Mínimos Cuadrados con el procedimiento GLM y el método de REML, con el procedimiento GLIMMIX, resultaron ser muy variables, los cuales mostraron mayormente valores medios. Esto se debe a que muy pocos caracteres cuantitativos tienen estimados de heredabilidad en sentido ancho muy altos o muy bajos, porque tanto los genes como el ambiente, juegan un papel en la expresión de los mismos (Klug & al. 2006).

Otros autores han obtenido también valores muy variables de heredabilidad en sentido ancho al evaluar caracteres cuantitativos en poblaciones de otros frutales con el método REML, por ejemplo: Oliveira & al. (2012) en papayo (*Carica papaya* L.) y Whitaker & al. (2012) en fresa (*Fragaria  $\times$  ananassa* Weston) Duchesne ex Rozier). En guayabo, Patel & al. (2015) y Paiva & al. (2016), por el método de Mínimos Cuadrados obtuvieron altos valores de heredabilidad en caracteres vegetativos y del fruto. Bandera (2018) planteó que, aunque los valores de heredabilidad en sentido ancho obtenidos por ambos métodos sean muy similares, los estimados son más precisos cuando se emplea el procedimiento GLIMMIX, pues se obtienen menores valores de los errores estándar.

## CONCLUSIONES

El método de REML, con el procedimiento GLIMMIX, demostró ser el más preciso para la estimación de parámetros genético-estadísticos en datos con medidas repetidas. En las tres familias de hermanos completos de guayabo analizadas existe una gran variabilidad genética para caracteres de importancia agronómica, que puede ser explotada en programas de mejoramiento genético y para la comercialización del cultivo.

## CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

E. Bandera concibió la idea original, analizó los datos y escribió la primera versión del manuscrito. L. Pérez diseñó y coordinó la investigación, y contribuyó a la revisión crítica del manuscrito. J. Valdés-Infante concibió y dirigió el proyecto de mejoramiento del guayabo. J.B. Velázquez realizó el muestreo y la evaluación de los caracteres.

## CUMPLIMIENTO DE NORMAS ÉTICAS

**Conflicto de intereses:** Los autores declaran que no existen conflictos de intereses.

**Aprobación de ética:** Todos los autores han llevado a cabo el trabajo de campo y la generación de datos de forma ética, incluida la obtención de permisos adecuados.

**Consentimiento para la publicación:** Todos los autores han dado su consentimiento para publicar este trabajo.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Anderson, R. & Bancroft, T. 1952. *Statistical Theory in Research*. McGraw-Hill Book Co. NY, USA. <https://doi.org/10.2134/agron-j1953.00021962004500030014x>

Balzarini, M., Macchiavelli, R. & Casanoves, F. 2005. Aplicaciones de Modelos Mixtos en Agricultura y Forestería. Curso Internacional de Aplicaciones de Modelos Mixtos en Agricultura y Forestería. CATIE. Turrialba, Costa Rica.

Bandera, E. 2018. Estudio de la variabilidad genética y de la asociación entre caracteres cuantitativos en familias de hermanos completos de guayabo (*Psidium guajava* L.). Tesis de Maestría. Facultad de Biología, Universidad de La Habana, Cuba.

Becker, W. 1984. *Manual of procedures in quantitative genetics*. Program in Genetics, Washington State University. Pullman, USA.

Cargnin, A. 2016. Repetibilidade e número de colheita de características para seleção de clones de variedades viníferas. *Cienc. Rural* 46(2): 221-226. <https://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20141346>

Cornide, M., Lima, H., Gálvez, G. & Sigarroa, A. 1985. *Genética Vegetal y Fitomejoramiento*. Ed. Científico-Técnica. La Habana, Cuba. Cruz, C., Regazzi, A. & Carneiro, P. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV. Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Farias-Neto, T. & Resende, V. 2001. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L.). *Rev. Bras. Frutic.* 23(2): 320-324. <https://dx.doi.org/10.1590/S0100-294520010001000200024>

Hernández-Jiménez, A., Pérez-Jiménez, J.M., Bosch-Dalmacio, D. & Castro, N. 2019. La clasificación de suelos de Cuba: énfasis en la versión de 2015. *Rev. Cultiv. Trop.* 40(1): a15-e15.

Judd, W.S., Campbell, C.S., Kellogg, E.A., Stevens, P.F. & Donoghue, M.J. 2016. *Plant systematics: a phylogenetic approach*. 4th Ed. Sinauer Associates. Sunderland, USA.

Klug, S., Cummings, R. & Spencer, A. 2006. *Conceptos de Genética*. Pearson Education S.A. Madrid, España.

Littell, R., Milliken, G., Stroup, W. & Wolfinger, R. 2006. *SAS for Mixed Models*. 2nd Ed. SAS Institute Inc. Cary, NC, USA.

McDonald, J. 2014. *Handbook of Biological Statistics*. 3rd Ed. Sparky House Publishing. Baltimore, Maryland, USA.

Mariguel, K., Resende, M., Viana, J., Silva, F., Silva, P. & Knop, F. 2011. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento

genético da pinha. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 46: 1657-1664. <https://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2011001200011>

Oliveira, J., Gilberto de Andrade, F., de Freitas, J., Loyola, J. & Resende, M. 2012. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial Hybrids. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 12: 191-198. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000300005>

Paiva, L. 2017. Índices multivariados e BLUP multisafra na seleção de genótipos de goiabeira. Tesis de Doctorado. Universidade Estadual do Norte Fluminense, Brasil.

Paiva, L., Viana, P., Santos, A., Freitas, O. & Amaral, T. 2016. Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia* 75(4): 418-427. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.477>

Patel, R., Maiti, C., Deka, B., Vermav, V., Deshmukh, N. & Verma, P. 2015. Genetic variability, character association and path coefficient study in guava (*Psidium guajava* L.) for plant growth, floral and yield attributes. *Int. J. Bio-resour. Stress Manag.* 6(4): 457-466. <https://doi.org/10.5958/0976-4038.2015.00068.8>

Pérez, L. 2013. Análisis de la variabilidad genética y de la interacción genotipo-ambiente en poblaciones de guayabo (*Psidium guajava* L.). Tesis de Doctorado. Facultad de Biología, Universidad de La Habana, Cuba.

Pérez, L., Bandera, E., Valdés-Infante, J., Velázquez, B. & Cornide, M. 2019. Predicción de valores genéticos aditivos en genotipos de guayabo (*Psidium guajava*) (*Myrtaceae*). *Revista Jard. Bot. Nac. Univ. Habana* 40: 23-31.

Ramírez, L. & Egaña, B. 2003. *Guía de conceptos de Genética Cuantitativa*. Universidad Pública de Navarra. Navarra, España.

Rawls, B., Harris-Shultz, K., Dhekney, S., Forrester, I. & Sittler, V. 2015. Clonal Fidelity of Micropropagated *Psidium guajava* L. Plants Using Microsatellite Markers. *Amer. J. Pl. Sci.* 6: 2385-2392. <https://doi.org/10.4236/ajps.2015.614241>

Resende, M. & Rosa-Pérez, J. 2001. *Genética Cuantitativa e Estatística no Melhoramento Animal*. Ed. da UFPR. Curitiba, Brasil.

Rodríguez, N., Valdés-Infante, J., Becker, D., Velázquez, B., Coto, O., Ritter, E. & Rohde, W. 2004. Morphological, agronomic and molecular characterization of Cuban accessions of guava (*Psidium guajava* L.). *J. Genet. & Breed.* 58: 79-90.

Rodríguez, N., Fermín, E., Valdés-Infante, J., Velázquez, B., Rivero, D., Martínez, F., Rodríguez, J. & Rohde, W. 2010a. Illustrated descriptor for guava (*Psidium guajava* L.). *Acta Hort.* 849: 103-109.

Rodríguez, N., Valdés-Infante, J., Velázquez, J., Rivero, D., Sourd, D., Martínez, F., Tamayo, R. & Rodríguez, J. 2010b. Colección cubana de germoplasma de guayabo (*Psidium guajava* L.). Establecimiento, caracterización y selección de cultivares. *CitriFruit.* 2(1): 28-38.

SAS Institute Inc. 2012. *SAS/IML 9.3 User's Guide*. SAS Institute Inc. Cary, NC, USA. <http://www.sas.com>

SAS/STAT. 2017. *SAS/STAT Software version 14.1*. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. <http://www.sas.com>

Stroup, W. 2015. Rethinking the Analysis of Non-Normal Data in Plant and Soil Science. *Agron. J.* 107: 811-827. <https://doi.org/10.2134/Agronj.2013.0342>

Tabachnick, B. & Fidell, L. 2007. *Using multivariate statistics*. 5th Ed. Allyn and Bacon. Boston, USA.

UPOV [International Union for the Protection of New Varieties of Plant]. 1987. *Guidelines for the conduct of test for distinctness*. Homogeneity

and stability. UPOV. Geneva, Switzerland. <https://www.Upov.Int/edocs/tgdocs/en/tg110.Pdf>

Valdés-Infante, J. 2009. Utilización de caracteres morfoagronómicos y de marcadores de ADN para el desarrollo de una metodología que contribuya al mejoramiento genético del guayabo (*Psidium guajava* L.) en Cuba. Tesis de Doctorado. Facultad de Biología, Universidad de la Habana, Cuba.

Whitaker, V. Osorio, L. & Hasing, T. 2012. Estimation of Genetic Parameters for 12 Fruit and Vegetative Traits in the University of Florida Strawberry Breeding Population. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 137(5): 316-324. <https://doi.Org/10.21273/Jashs.137.5.316>