II Congresso Internacional das Ciências Agrárias COINTER - PDVAgro 2017

DESCARTES DE DESCRITORES DA PARTE AÉREA DE JAMBU [*Acmella oleracea* (L.) R. K. Jansen]

Dalcirlei Pinheiro Albuquerque¹; Felipe da Silva Leite²; Marlison Tavares Ávila³; Kidelmir Costa Milomes Junior⁴; Davi Henrique Lima Teixeira⁵

Resumo

A eliminação de descritores redundantes é de grande importância, pois minimiza os esforços na avaliação de genótipos sem perda na precisão de avaliação dos genótipos. Este trabalho teve como objetivo descartar caracteres que pouco contribuem para a discriminação de genótipos de jambu oriundos de diversos municípios do nordeste paraense. Os genótipos utilizados nesse estudo foram obtidos em hortas e feiras localizadas em cinco municípios: Capitão Poço, Castanhal, Ourém, Capanema e São Miguel do Guamá e, no total, foram avaliados 23 caracteres. As estimativas de correlação entre os descritores selecionados e descartados foram obtidas como medida da eficiência da análise de componentes principais, para descartar os descritores redundantes e não-discriminantes neste trabalho. Realizaram-se também as análises de variância de todas as características avaliadas dos genótipos individualmente. O peso seco do caule, número de ramos, diâmetro dos entrenós e o comprimento dos entrenós são características passíveis de descarte para este estudo.

Palavras-Chave: Componentes principais, importância dos caracteres, melhoramento genético.

Introdução

O jambu [*Acmella oleracea* (L.) R. K. Jansen] é uma hortaliça de largo uso na culinária paraense (GUSMÃO et al., 2009). Além disso, essa espécie possui propriedades medicinais atribuídas à substância espilantol, que atua como analgésico, hemostático, antimicrobiano, inseticida e fungicida, entre outros usos fitoterápicos (COUTINHO et al., 2006; TORRES; CHÁVES, 2001). Essas propriedades têm despertado o interesse de empresas, que geram pesquisas e patentes na obtenção de extratos de folhas e flores de jambu (COSTA, 2010), tanto que seu cultivo se difundiu também para a região sudeste do país (COUTINHO et al., 2006).

¹ Bacharelado em Biologia, Universidade Federal Rural da Amazônia, dalcirleialbuquerque@outlook.com

² Bacharelado em Biologia, Universidade Federal Rural da Amazônia, felipedasilvaleite13@icloud.com

³ Engenheiro Agrônomo, Pós-graduando em Engenharia de Segurança do trabalho, Universidade da Amazônia, marlyson27@yahoo.br

⁴ Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal Rural da Amazônia, millomesjunior@outlook.com

⁵ Professor Doutor, Universidade Federal Rural da Amazônia, davihlma@yahoo.com.br

Apesar de toda sua importância, ainda são escassos trabalhos que visem o maior rendimento produtivo por área, especialmente se tratando de melhoramento genético. Dentre os motivos para poucas pesquisas nesta área estão a pouca informação de métodos de melhoramento para a espécie. Na literatura existe apenas uma cultivar de jambu, cultivar Nazaré, resultado de sete ciclos de seleção de plantas individuais para resistência ao carvão (*Thecaphora spilanthes* L.) (POLTRONIERI et al., 2000), mas que por motivos desconhecidos não foi adotada pelos produtores; e um programa de melhoramento sendo conduzido no Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, no qual encontra-se em etapas iniciais de caracterização morfológica e agrônômica (MARTINS et al., 2012).

O sucesso de qualquer programa de melhoramento genético depende principalmente da escolha correta de genitores para um programa de desenvolvimento de cultivares (BERTAN et al., 2007; FUZATTO et al., 2002; PEREIRA et al., 2007; SANTOS et al., 2001).

É comum em programas iniciais de melhoramento a utilização de grande número de características como descritores de genótipos. Contudo, boa parte desses descritores é avaliada sem um critério para a real contribuição na discriminação dos genótipos, sendo estes apenas consumidores de tempo e mão-de-obra (OLIVEIRA et al., 2004). Assim, a eliminação de descritores redundantes é de grande importância, pois minimiza os esforços na avaliação de genótipos sem perda na precisão de avaliação dos genótipos.

As estatísticas multivariadas permitem fazer inferências sobre todo o conjunto de descritores utilizados, e, desse modo, revelam as utilidades dos mesmos (FERREIRA, 2011). Uma metodologia multivariada de grande utilidade é a de componentes principais, pois apresenta a vantagem de não necessitar de dados obtidos de experimentos com repetições (CRUZ et al., 2012). Essa técnica, além de estimar a diversidade genética, também permite estudar a importância de cada caráter na variação total da população avaliada (MORAES, 2005). Assim é possível o descarte de caracteres que pouco discriminam os genótipos avaliados.

Pelo exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar genótipos de jambu oriundos de diversos municípios do nordeste paraense e descartar descritores da parte aérea que pouco contribuem para a discriminação de genótipos.

Fundamentação Teórica

INFORMAÇÕES E IMPORTÂNCIA DA ESPÉCIE

O jambu (*Acmella oleracea* L.) é uma Asteraceae nativa da região amazônica, hortaliza herbácea, semiereta e de ramos decumbentes). É uma hortaliza rica em elementos nutritivos, com presença de vitaminas B₁, B₂, niacina, vitamina C, vitamina A e cálcio (BORGES et al, 2012). As

inflorescências são pequenas e amareladas, dispostas em capítulos. As flores da espécie são em capítulos globosos, amarelados e longo pedunculados. Sua propagação pode ser por semente ou estaquia (CARDOSO; GARCIA, 1997). É também conhecido por agrião do Pará, agrião do Brasil, agrião do Norte, jabuaçu, erva maluca, jaburama, botão de ouro, entre outros (COUTINHO et al., 2006).

Na gastronomia paraense o jambu ficava restrito a confecção de pratos típicos, como o pato no tucupi e tacacá, elaborados principalmente em datas festivas ou comemorações familiares. Recentemente houve popularização do jambu em restaurantes locais, com o desenvolvimento de novos pratos, como o arroz e a pizza paraense, quitutes como o pastel de jambu, consumo “*in natura*” em saladas, bebidas alcoólicas, entre outros (HOMMA et al., 2011).

O alcaloide espilantol presente nas folhas, ramos e flores do jambu é descrito em patentes como apropriado para uso anestésico, antisséptico, antirrugas, anti-inflamatório, creme dental, ginecológico, com diversos produtos no mercado, vendidos como remédio e cosmético (COSTA, 2010). Esta é a razão da existência de cinco patentes que utilizam o jambu registradas no United States Patent and Trademark Office (USPTO) no período de 2000 a 2006 (uma americana, uma francesa e três japonesas), sete na World Intellectual Property Organization (WIPO) (japonesa, americana, inglesa, dinamarquesa, suíça, brasileira e australiana) no período de 2006 a 2010, sendo uma no Instituto Nacional de Propriedade Intelectual em 2005 (HOMMA et al., 2011).

Todavia, se observa extraordinária expansão da área cultivada com essa espécie em todo o Brasil, pelo ao surgimento de novas áreas de produção em outros estados e países. O processo de patenteamento para novos produtos no exterior e uso na gastronomia nacional e internacional estão transformando o jambu em uma hortaliça promissora. (BORGES, 2012).

MELHORAMENTO GENÉTICO

O melhoramento vegetal é uma ciência bastante consolidada que serve como sustentáculo para a agricultura no que diz respeito à disponibilidade de alimentos, fibras, energia e lazer para a sociedade (BORÉM; MIRANDA 2009), tratando-se, na verdade, a uma adaptação de vegetais para suprir as necessidades humanas.

As técnicas de melhoramento permitem, a partir da seleção, alterar as frequências dos alelos favoráveis e melhorar a característica desejada. Além de ciência, o melhoramento genético é considerado um negócio e, também, arte, pois depende da habilidade do melhorista em observar diferenças nas plantas que podem ter importância econômica (BERNARDO, 2002).

A caracterização morfológica e agrônômica de populações é uma das etapas iniciais dos programas de melhoramento, que visam ao desenvolvimento de populações com potencial agrônômico, como produção, hábito de crescimento, altura da planta, resistência a pragas, entre

outras características (ROSA et al., 2006).

Devido ao pouco que se tem sobre estudos com melhoramento genético de jambu, é notável a necessidade de obtenção de novas cultivares que proporcionem aos produtores maior produtividade por área e produção mais estável no decorrer dos anos agrícolas.

IMPORTÂNCIA DE CARACTERES

A utilização de caracteres morfoagronômicos na avaliação da divergência genética proporciona uma simplificação da quantificação da variação genética, bem como possibilita avaliar o desempenho dos genótipos no ambiente de crescimento (FUFA et al., 2005), sendo estes, de maneira geral, eficientes para estudo de divergência genética., especialmente nas primeiras etapas do estabelecimento de um programa de conservação ou melhoramento genético.

Na escolha dos caracteres a serem avaliados, sempre se deve ter em mente a relevância e o poder do caráter em discriminar os acessos, a complexidade da sua mensuração de dados, o número de acessos a serem testados, a estrutura e os recursos disponíveis (IDRIS; SAAD, 2001). Deve-se evitar, ainda, escolher caracteres muito correlacionados, pois estes serão pouco informativos e aumentarão o trabalho da pesquisa (CRUZ et al., 2004).

Se ganha tanto em economia de tempo quanto em recursos financeiros com o descarte de caracteres que são redundantes por serem correlacionadas, ou dispensáveis, por representarem uma fração desprezível da variação total (ALVES et al., 2003; CRUZ et al., 2004).

RESPOSTAS CORRELACIONADAS

A importância da correlação nos estudos de melhoramento genético está baseada no fato de esta permitir o conhecimento das alterações de um caráter X, em intensidade e sentido, pela seleção praticada no caráter Y (RAMALHO et al., 1993). Sendo assim, conhecer o grau dessa associação, por meio de estudos de correlações, possibilita a identificação de caracteres que podem ser usados como critério de seleção indireta para a produtividade (CARGNIN et al., 2010).

É importante saber que os coeficientes de correlação são apropriados para avaliar a associação entre características porque são adimensionais e permitem a comparação entre diferentes pares de características (GONÇALVES et al., 2008). Sendo assim, ao selecionar com base em caracteres de alta herdabilidade e de fácil aferição, e que ainda apresentam alta correlação com o caráter desejado, o melhorista poderá obter progressos mais rápidos em relação ao uso da seleção direta (CARVALHO et al., 2004).

A correlação entre caracteres pode contornar as dificuldades no melhoramento genético de caracteres que apresentam problemas na mensuração, que sofrem pronunciado efeito do ambiente e apresentam baixa herdabilidade ao se selecionar caracteres correlacionados a eles e que não apresentem estes problemas (KUREK et al., 2001). Para isso, é necessário que ocorra correlação

genética entre esses caracteres, em especial causada por efeitos pleiotrópicos, nos quais os genes influenciam dois ou mais caracteres.

Metodologia

COLETA DE DADOS

Foram avaliados 429 genótipos de Jambu, provenientes de cinco regiões do Pará, correspondentes as seguintes localizações: CAPITÃO POÇO: 1-25 Produtor; 26-61 Nova Colônia; 72-81 Bairro Coutilândia; 82-90 Bairro Gasolina. CASTANHAL: 91-110 Santa Luzia; 111-130 Curuçá; 131-149 Terra Alta; 150-168 Iracema; 169-188 Calucia. OURÉM: 189-210 Arraial do Caeté; 211-235 Igarapé Grande; 236-259 Riacho; CAPANEMA: 260-359 Primavera; SÃO MIGUEL: 360-382 Interior de Santa Maria; 383-403 Vila Santo Antônio; 404-414 Horta na cidade; 415-429 Santa Maria.

As plantas foram identificadas conforme a origem, acondicionadas em sacos plásticos borrifados com água no interior e levadas ao Laboratório de Engenharia Agrícola da Universidade Federal Rural da Amazônia, *campus* Capitão Poço, PA. Os descritores avaliados foram: massa de matéria verde da planta (MVP, g), de folhas totais (MFT, g), de folhas desenvolvidas (MFD, g) e de folhas em crescimento (MFC, g) e de caule (MVC, g), avaliadas com balança digital com precisão de 0,01g. As folhas totais e caules de cada planta foram separados, colocados em saco de papel e armazenados em estufas de circulação de ar forçada a 70°C até atingirem peso seco constante para a estimação da massa de matéria seca das folhas (MSF, g) e de caules (MSC, g). Também avaliou-se o comprimento da planta (CP, cm) por meio de fita métrica, mensurado do início caule principal até a folha mais distante, da primeira (CPR, g), segunda (CSR, g) e terceira (CTR, g) ramificação; o comprimento do primeiro (CPEN, cm), segundo (CSEN, cm) e terceiro (CTEN, cm) entre nó do caule principal, mesurado com régua; comprimento médio do pecíolo (CPE, mm), no qual foram mensurados, com paquímetro digital, o comprimento do pecíolo de três folhas desenvolvidas e calculada a média; o diâmetro do caule principal (DC, mm) , mensurado com paquímetro digital, obtido pela média dos diâmetros dos três primeiro entre nós do caule principal; o número de ramificações (NR), de folhas totais (NFT), desenvolvidas (NFD) e em crescimento (NFC); comprimento médio de folhas desenvolvidas (CFD, cm) e em crescimento (CFC, cm), mensurados com régua onde mediu-se a distância do final do pecíolo até a ponta da folha de três folhas desenvolvidas ou em crescimento, retiradas ao acaso, e calculadas a médias; largura de folhas desenvolvidas (LFD, cm) e em crescimento (LFC, cm), mesuradas com régua onde mediu-se a maior largura de três folhas desenvolvidas ou em crescimento, retiradas ao a caso, e calculada a

média (NFC). A figura 1 mostra alguns procedimentos desenvolvidos durante o processo de coleta de dados.

Figura 1 – A) Identificação dos genótipos de Jambu. B) Mensuração do tamanho da raque das folhas. C) Caules secos de plantas de Jambu. D) Mensuração do peso seco do caule. Fonte: Própria

ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As estimativas de correlação entre os descritores selecionados e descartados foram obtidas como medida da eficiência da análise de componentes principais, para descartar os descritores redundantes e não-discriminantes neste trabalho, de acordo com o descrito em CRUZ et al. (2013). Realizaram-se também as análises de variância de todas as características avaliadas dos genótipos individualmente. Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo computacional em genética e estatística “Programa GENES” (CRUZ, 2012).

Resultados e Discussão

Os resultados exibidos (Tabela 1) nos mostra o alto grau de correlação existente entre alguns caracteres. Correlações de alta magnitude ocorreram entre as associações peso seco da planta x peso seco do caule = 0,97, peso da planta x peso seco do caule = 0.94 e entre o peso seco da planta x peso seco das folhas = 0,93.

O PSC é uma característica que se correlacionou com mais de uma característica, nesse caso essa característica torna-se redundante podendo ser considerada passível de descarte. Além disso, é

uma característica considerada de baixa importância do ponto de vista morfoagronômica quando compara com o peso fresco e seco da planta.

A estimativa de correlação entre características é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, principalmente se a seleção em uma delas apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de mensuração (CRUZ et al., 2004), pois permite efetuar o descarte de características com base em outras mais facilmente avaliadas e de alta herdabilidade, proporcionando maiores progressos genéticos com economia de tempo, mão-de-obra e recursos (FERRÃO, 2004).

Usando a técnica dos componentes principais para todas as regiões, observa-se que foram necessários 14 componentes para acumular 96% de toda a variância existente, onde o peso seco da planta acumulou 41% da variação, seguido do número de folhas com 16%, peso da planta representando 7%, comprimento das folhas grandes com 6,1%, peso das folhas com 4,2%, comprimento das folhas pequenas 3,2%, comprimento da segunda ramificação 2,9%, comprimento do terceiro entrenó 1,8%, comprimento da planta 1,5%, comprimento da primeira ramificação 1,4%, número de folhas grandes 1,2% e comprimento do pecíolo com 1,1% (Tabela 2).

Nesse caso, o restante das características pode ser descartado por apresentarem uma baixa variância, sem que haja perda de informações, isto é, dos 23 caracteres avaliados neste estudo, os quatorze primeiros componentes principais são suficientes para discriminar os genótipos estudados com um bom grau de precisão e otimização por representarem mais de 95% de toda a variabilidade genética existente nos genótipos avaliados. Sendo assim, quatorzes descritores são suficientes para avaliação e discriminação de genótipos de jambu.

Tabela 1 – Matriz de correlação entre 23 caracteres de 429 genótipos de Jambu provenientes de cinco municípios do nordeste paraense. Fonte: Própria

Caracteres	CP	NR	CR1	CR2	CR3	CPEC	CNE1	CNE2	CNE3	DE	PC	NFO	NFOG	NFOP	PFO	CFG	LFOG	CFP	LFP	PSC	PSFO	PSP
PV	0,54**	0,41**	0,69**	0,72**	0,73**	0,15**	0,28**	0,12*	0,21**	0,32**	0,94**	0,72**	0,72**	0,65**	0,79**	0,25**	0,37**	0,36**	0,37**	0,86**	0,65**	0,81**
CP	1	0,09ns	0,58**	0,55**	0,46**	0,39**	0,26**	0,41**	0,52**	0,38**	0,57**	0,15**	0,29**	0,10*	0,20**	0,46**	0,45**	0,41**	0,29**	0,52**	0,30**	0,45**
NR		1	0,27**	0,25**	0,24**	0,06ns	0,09ns	-0,13**	-0,11*	0,25**	0,41**	0,56**	0,37**	0,55**	0,46**	0,08ns	0,13**	0,11*	0,19**	0,37**	0,39**	0,40**
CR1			1	0,74**	0,64**	0,15**	0,17**	0,17**	0,26**	0,25**	0,69**	0,46**	0,48**	0,41**	0,44**	0,21**	0,27**	0,35**	0,34**	0,60**	0,41**	0,55**
CR2				1	0,74**	0,09ns	0,17**	0,11*	0,23**	0,23**	0,72**	0,51**	0,53**	0,46**	0,48**	0,16**	0,24**	0,34**	0,35**	0,58**	0,39**	0,53**
CR3					1	0,06ns	0,15**	0,05ns	0,19**	0,15**	0,71**	0,53**	0,53**	0,48**	0,50**	0,03ns	0,15**	0,27**	0,32**	0,61**	0,43**	0,56**
CPEC						1	0,20**	0,40**	0,38**	0,11*	0,15**	-0,09ns	0,05ns	-0,12*	-0,01ns	0,54**	0,49**	0,25**	0,14**	0,20**	0,20**	0,21**
CNE1							1	0,31**	0,00ns	0,12*	0,22**	0,28**	0,06ns	0,30**	0,22**	0,09ns	0,10*	0,04ns	0,06ns	0,24**	0,22**	0,24**
CNE2								1	0,65**	0,08ns	0,14**	-0,22**	-0,04ns	-0,24**	-0,09*	0,39**	0,36**	0,18**	0,08ns	0,07ns	-0,03ns	0,03ns
CNE3									1	0,14**	0,23**	-0,19**	0,08ns	-0,24**	-0,05ns	0,45**	0,45**	0,31**	0,20**	0,15**	0,01ns	0,10*
DE										1	0,39**	0,28**	0,33**	0,24**	0,32**	0,37**	0,36**	0,29**	0,19**	0,29**	0,23**	0,28**
PC											1	0,68**	0,72**	0,61**	0,77**	0,27**	0,38**	0,36**	0,36**	0,85**	0,62**	0,80**
NFO												1	0,66**	0,98**	0,82**	-0,02ns	0,09ns	0,18**	0,27**	0,63**	0,61**	0,65**
NFOG													1	0,51**	0,74**	0,18**	0,30**	0,28**	0,32**	0,66**	0,63**	0,68**
NFOP														1	0,76**	-0,07ns	0,03ns	0,15**	0,23**	0,56**	0,55**	0,58**
PFO															1	0,16**	0,31**	0,24**	0,29**	0,72**	0,70**	0,74**
CFG																1	0,88**	0,52**	0,35**	0,26**	0,27**	0,28**
LFOG																	1	0,49**	0,38**	0,35**	0,33**	0,36**
CFP																		1	0,83**	0,33**	0,29**	0,33**
LFP																			1	0,33**	0,30**	0,33**
PSC																				1	0,82**	0,97**
PSFO																					1	0,93**
PSP																						1

* e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, com base no teste de Tukey; **ns** – não significativo.

PV – Peso de matéria fresca da planta; CP – Comprimento da planta; NR – Número de ramificações; CPR – Comprimento 1º ramificação; CSR – comprimento da 2º ramificação; CTR – comprimento da 3º ramificação; CPEC – Comprimento do pecíolo; CPE – Comprimento do primeiro entrenó; CSE – comprimento do segundo entrenó; CTE – comprimento do terceiro entrenó; DE – Diâmetro dos entre nós; PC – Peso de matéria fresca do caule; NFO – Número de folhas; NFOG – Número de folhas grandes; NFOP – Número de folhas pequenas; PFO – Peso de matéria fresca das folhas; CFG – Comprimento das folhas grandes; LFOG – Largura das folhas grandes; CFP – Comprimento das folhas pequenas; LFP – Largura das folhas pequenas; PSC – Peso de matéria seca do caule; PSFO – Peso de matéria seca das folhas; PSP – Peso de matéria seca das plantas.

Tabela 2 - Estimativas das variâncias (autovalores), e respectivas porcentagens de explicação da variação total de 23 caracteres avaliados com base em 429 genótipos de cinco municípios do nordeste paraense.

ESTIMATIVAS DOS AUTOVALORES			
CARACTERES	AV	AV (%)	VARIÂNCIA ACUMULADA (%)
PSP	9,644484	41,93254	41,93254
NFO	3,706031	16,11318	58,04572
PV	1,625914	7,06919	65,11491
PSC	1,405361	6,110265	71,22517
CFG	1,048936	4,560592	75,78577
PFO	0,966178	4,200775	79,98654
CFP	0,742326	3,227505	83,21404
CR2	0,680533	2,958837	86,17288
CR2	0,571599	2,485211	88,65809
CNE3	0,430198	1,870424	90,52852
CP	0,366402	1,593053	92,12157
CR1	0,337676	1,468155	93,58973
NFOG	0,289516	1,258767	94,84849
CPEC	0,266301	1,157829	96,00632
LFOG	0,223028	0,969688	96,97601
CNE2	0,205084	0,891672	97,86768
NR	0,149096	0,648244	98,51592
DE	0,135904	0,590888	99,10681
CNE1	0,090018	0,391384	99,4982
LFP	0,064548	0,280645	99,77884
CR3	0,050147	0,218031	99,99687
CNE3	0,000719	0,003128	100
PV	0	0	100

PV – Peso de matéria fresca da planta; CP – Comprimento da planta; NR – Número de ramificações; CPR – Comprimento 1º ramificação; CSR – comprimento da 2º ramificação; CTR – comprimento da 3º ramificação; CPEC – Comprimento do pecíolo; CPE – Comprimento do primeiro entrenó; CSE – comprimento do segundo entrenó; CTE – comprimento do terceiro entrenó; DE – Diâmetro dos entre nós; PC – Peso de matéria fresca do caule; NFO – Número de folhas; NFOG – Número de folhas grandes; NFOP – Número de folhas pequenas; PFO – Peso de matéria fresca das folhas; CFG – Comprimento das folhas grandes; LFOG – Largura das folhas grandes; CFP – Comprimento das folhas pequenas; LFP – Largura das folhas pequenas; PSC – Peso de matéria seca do caule; PSFO – Peso de matéria seca das folhas; PSP – Peso de matéria seca das plantas.

Conclusões

O peso de matéria fresca da planta, peso de matéria seca da planta e o número de folhas são considerados bons descritores com base no método de componentes principais.

O peso seco do caule, número de ramos, diâmetro dos entrenós e o comprimento dos entrenós 1, 2 e 3 são consideradas características passíveis de descarte para este estudo.

Apenas quatorze descritores são suficientes para avaliação e discriminação de genótipos de jambu.

Referências

- ALVES, R. M. et al. **Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro**. Pesquisa Agropecuária Brasileira 38:807-818. 2003.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Minnesota: Stemma Press, 2002. 368p.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. **Parental selection strategies in plant breeding programs**. Journal of Crop Science and Biotechnology, v.10, n.4, p.211-222, 2007.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. v.1, 529p.
- BORGES, L. SILVA.; GUERRERO, A. C.; GOTO, R.; LIMA, G. P. P. **Produtividade e acúmulo de nutrientes em plantas de jambu, sob adubação orgânica e mineral**. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 34, n. 1, 2012.
- CARDOSO, M.O.; GARCIA, L.C. Jambu. In: Cardoso, M.O. (Coord.). **Hortaliças não convencionais da Amazônia. Manaus**. EMBRAPA-CPAA, 1997, p.133-140.
- CARGNIN, A.; SOUZA, M. A.; PIMENTEL, A. J. B.; FOGAÇA, C. M. **Diversidade genética em cultivares de arroz e correlações entre caracteres agronômicos**. Rev. Ceres, Viçosa, v. 57, n.1, p. 053-059, 2010.
- CARVALHO, F. I. C.; LORENZETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 2004.
- COSTA, C.M.L. **Caracterização e análise experimental do recobrimento de sementes de Jambu (*Spilanthes oleracea*) em leite fluidizado**. 2010. 203p. Tese (Doutorado em Engenharia Química) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, 2010.
- COUTINHO, L. N. et al. **Galhas e deformações em Jambu (*Spilanthes oleraceae* L.) causadas por *Tecaphora spilanthus* (Ustilaginales)**. Summa **Phytopathology**, v.32, n.3, p.283-5, 2006. Botucatu.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. & CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª ed. Viçosa, UFV. 480p, 2004.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1. 514p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 4.ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1. 2013. 514p.
- FERRÃO, R.G. **Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon**. 2004. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2004.
- FERREIRA, D.F. **Estatística Multivariada**. 2 ed. Lavras: Editora UFLA, 676 p. 2011.

- FUFA, H. et al. **Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars.** Euphytica, 145:133–146. 2005.
- FUZATTO, S. R. et al. **Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho.** Ciência e Agrotecnologia, v.26, n.1, p.22-32, jan./fev. 2002.
- GONÇALVES, G. M. et al. **Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo delineamento I.** Ciência e Agrotecnologia, v. 32, p. 1413-1418, 2008.
- GUSMÃO S.A.L. GUSMÃO, M.T.de.; SILVESTRE, M.V.D. et al. **Caracterização do cultivo de Jambu nas áreas produtoras que abastecem a grande Belém.** In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 2009, Águas de Lindóia. São Paulo, 2009.
- HOMMA, A. K. O. et al. **Etnocultivo do jambu para abastecimento da cidade de Belém, estado do Pará,** Amazônia: Ci. & Desenv., BELÉM, v. 6, n. 12, jan./jun. 2011.
- IDRIS, S.; SAAD, M. S. Characterization of plant genetic resources. In: SAAD, M. S.; RAO, V. R. (Ed.). **Establishment and management of field genebank: a training manual.** Rome: IPGRI, 2001. p. 81-86.
- KUREK, A. J. et al. **Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimentos de grãos em feijão.** Revista Brasileira de Agrociência, Pelotas, v. 7, n. 1, p. 29-32, jan./abr. 2001.
- MARTINS et al. **Caracterização morfológica e agrônômica de acessos de jambu (*Spilanthes oleracea* L.) nas condições do Norte de Minas Gerais.** Rev. Bras. Pl. Med., Botucatu, v.14, n.2, p.410-413, 2012.
- MORAES, C. B. **Genetic diversity of common bean genotypes of Carioca commercial group using RADP markers.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.5, n.1, p.80-85, 2005.
- OLIVEIRA, A. C. B.; SEDYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W. et al. **Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico.** Acta Scientiarum, v. 26, n. 4, p. 211-217, 2004.
- PEREIRA, H. S. et al. **Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.42, n.5, p.707-713, maio 2007.
- POLTRONIERI, M.C., MULLER, N.R.M., POLTRONIERI, L.S. **Recomendações para produção de Jambu: Cultivar Nazaré.** Embrapa-Circular Técnica, n.11, dezembro, 2000.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- ROSA, M. S. et al. **Caracterização agromorfológica interpopulacional em *Oryzaglumaepatula*.** Bragantia, v.65, n.1, p.1-10, 2006.
- SANTOS, P. G.; SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. **Predição do potencial genético de populações segregantes de arroz de terras altas.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.36, n.4, p.659-670, abr. 2001.

TORRES, J.M.; CHÁVEZ, A.G. **Alcamidas em plantas: distribucion e importância.** Avance y Perspectiva, v. 20, p. 377-387, 2001.