

DAVAIR LOPES TEIXEIRA JUNIOR

VARIABILIDADE E SELEÇÃO EM *Alternanthera sessilis* (L.) D.C



RIO BRANCO - AC

2023

DAVAIR LOPES TEIXEIRA JUNIOR

VARIABILIDADE E SELEÇÃO EM *Alternanthera sessilis* (L.) D.C

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Vanderley B. dos Santos

RIO BRANCO - AC

2023

DAVAIR LOPES TEIXEIRA JUNIOR

VARIABILIDADE E SELEÇÃO EM ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA
(*Alternanthera sessilis*) (L.) D.C

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração Produção Vegetal, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Produção Vegetal.

APROVADA em 29 de setembro de 2023

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente



VANDERLEY BORGES DOS SANTOS

Data: 29/11/2023 18:09:54-0300

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

Dr. Vanderley Borges dos Santos (Presidente)
Universidade Federal do Acre

Dr. Marcos Deon de Vilela de Resende (Membro)
Universidade Federal de Viçosa/Embrapa

Documento assinado digitalmente



ALMECINA BALBINO FERREIRA

Data: 23/11/2023 16:32:10-0300

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

Dra. Almecina Balbino Ferreira (Membro)
Universidade Federal do Acre

Documento assinado digitalmente



LIDIANNE ASSIS SILVA

Data: 23/11/2023 20:10:45-0300

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

Dra. Lidiane Assis Silva (Membro)
Universidade Federal do Acre

Documento assinado digitalmente



REGINA LUCIA FELIX FERREIRA

Data: 23/11/2023 10:24:40-0300

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

Dra. Regina Lúcia Felix Ferreira (Membro)
Universidade Federal do Acre

Documento assinado digitalmente



AMAURI SIVIERO

Data: 27/11/2023 11:25:53-0300

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

Dr. Amauri Siviero (Membro)
Embrapa

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

T266v Teixeira Júnior, Davair Lopes 1985-

Variabilidade e seleção em *Alternanthera sessilis* (L.) D.C /; Orientador:
Prof. Dr. Vanderley B. dos Santos – 2023.

107 f.: il. 30 cm.

Tese (Doutorado) – apresentada ao Programa de Pós-Graduação em
Agronomia do Centro de Ciências Biológicas e da Natureza da Universidade
Federal do Acre, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor
em Agronomia.

Inclui anexos.

1. Divergência genética. 2. Melhoramento genético. 3. Modelos mistos I.
Santos, Vanderley B. dos (orientador). II. Título.

Bibliotecário: Marcelino G. M. Monteiro CRB-11º/258.

AGRADECIMENTOS

À Deus, doador da vida, pelo cuidado e pelas bênçãos derramadas durante essa jornada.

Aos meus pais Davair Lopes Teixeira e Creuza Silva Teixeira, pela inspiração e apoio incondicional.

Aos familiares, em especial minha esposa Mayara da Silva Gomes Teixeira, pela dedicação, pela espera paciente nos momentos de ausência, minha eterna gratidão. Essa vitória é nossa.

Ao meu orientador Prof. Vanderley Borges dos Santos por toda orientação e apoio necessário para a realização dessa tese.

À Universidade Federal do Acre e ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal pela oportunidade da realização do doutorado.

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Acre – IFAC, em especial ao campus Xapuri, pela oportunidade do afastamento para realização do doutorado.

Aos membros da banca examinadora prof. Dr. Marcos Deon de Vilela de Resende, Profa. Dra. Almecina Balbino de Ferreira, Profa. Dra. Regina Lúcia Felix Ferreira, Profa. Dra. Lidiane Assis Silva, Pesquisador Dr. Amauri Siviero e Dr. Luan de Oliveira do Nascimento, pelas fundamentais Contribuições oferecidas a este trabalho.

Aos Professores do programa de pós-graduação Produção Vegetal -UFAC, pelos ensinamentos.

A todos os amigos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, através de seu incentivo e motivação, meus sinceros agradecimentos.

“Ainda que as figueiras não produzam frutas, e as parreiras não deem uvas; ainda que não haja azeitonas para apanhar nem trigo para colher; ainda que não haja mais ovelhas nos campos nem gado nos currais, mesmo assim eu darei graças ao SENHOR e louvarei a Deus, o meu Salvador.”

Habacuque 3:17-18 NTLH

RESUMO GERAL

Este estudo teve como objetivo, é prever a variabilidade através da divergência genética entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia e estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos de genótipos de espinafre-da-Amazônia, por meio da metodologia REML/BLUP e selecionar clones através da seleção clonal individual. O experimento sobre o estudo da variabilidade foi conduzido em Rio Branco - Acre, no período de março a junho de 2020, adotando o delineamento de blocos completos ao acaso, com 16 tratamentos e 4 repetições. Foram avaliados diversos caracteres aos 45 dias após o transplante das mudas, incluindo diâmetro do colo, número de ramos por planta, altura da planta, largura da planta, número de folhas, área foliar, massa fresca da parte aérea e massa seca da parte aérea. Utilizou-se o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas). A existência de divergência genética justifica a formação de novas populações para futuros programas de melhoramento. Os genótipos AM-7 e AP-1 se destacaram por apresentarem valores superiores em características importantes, como altura da planta, massa fresca da parte aérea e área foliar, o que os torna promissores para a formação de genótipos superiores em futuros trabalhos de melhoramento genético. Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA mostraram números de grupos distintos, mas houve concordância na formação de grupos divergentes de espinafre-da-Amazônia, corroborando a existência de variabilidade genética entre os genótipos. Esses resultados indicam que a combinação desses métodos pode ser uma ferramenta eficiente para a seleção de genótipos mais divergentes e com potencial para o desenvolvimento de novas cultivares. A diversidade genética encontrada nesse estudo pode ser explorada em futuros programas de melhoramento, visando aumentar a produtividade e a qualidade do espinafre-da-Amazônia, contribuindo para sua valorização como cultura agrícola promissora. Os resultados obtidos indicam uma situação favorável para a seleção e boas perspectivas para um programa de melhoramento genético. O procedimento REML/BLUP demonstrou alta eficiência na classificação e ordenamento dos genótipos. Com base nesses resultados, o clone 6 foi identificado como o mais promissor para seleção, representando uma escolha indicada para plantios e futuros programas de melhoramento genético do espinafre-da-Amazônia. O estudo da seleção clonal individual foi dividido em duas etapas. A primeira foi a formação da

população heterogênea realizada em 2020, onde foi formado um plantio utilizando 2000 plantas provenientes dos 16 genótipos do banco de germoplasma da UFAC. Cada genótipo contribuiu com 127 mudas. Após 45 dias do transplante das mudas, foram selecionadas 200 plantas ($i = 10\%$) com base nos seguintes caracteres: Altura de planta, número de folhas, Massa fresca da parte aérea, Massa seca da parte aérea e área foliar. Dentre as 200 plantas selecionadas, 20 foram plantadas em linhas e submetidas aos ciclos de seleção. A segunda parte da seleção clonal individual foi realizada dois ciclos de seleção que ocorreram em março a maio de 2021 e setembro a outubro de 2021 respectivamente. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos ao acaso (DBC), com 20 tratamentos e quatro repetições. Cada tratamento correspondia a um clone proveniente da população heterogênea de *Alternanthera Sessilis* (L.). As parcelas experimentais consistiram em 16 plantas, sendo avaliadas as quatro plantas centrais de cada parcela. As estimativas dos componentes de variâncias e os valores genéticos foram obtidos por meio do software Selegen-REML/BLUP, utilizando o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas). Os valores dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados, indicam excelente possibilidade para seleção clonal individual de genótipos utilizando a metodologia REML/BLUP. De acordo com as análises realizadas, o clone 20, se destacou em todos os caracteres avaliados, como o mais promissor para a seleção, apresentando grande potencial para o desenvolvimento de variedades superiores de espinafre-da-Amazônia.

Palavras-chave: divergência genética; melhoramento genético do espinafre; modelos mistos.

GENERAL ABSTRACT

This study aimed to quantify genetic divergence among 16 Amazonian Spinach genotypes based on morpho-agronomic traits, estimate genetic parameters, and predict genotypic values using the REML/BLUP methodology. The experiment was conducted in Rio Branco, Acre, from March to June 2020, employing a randomized complete block design with 16 treatments and 4 replications. Various traits were evaluated 45 days after transplanting seedlings, including stem diameter, number of branches per plant, plant height, plant width, number of leaves, leaf area, fresh aboveground biomass, and dry aboveground biomass. Estimates of variance components and genetic values were obtained through the Selegen-REML/BLUP software, utilizing model 20 (randomized blocks, unrelated clone test, one plant per plot, or plot mean). Analysis of variance revealed highly significant differences ($p < 0.01$) for all assessed traits, highlighting the diversity among Amazonian Spinach genotypes. The presence of genetic divergence justifies the formation of new populations for future breeding programs. Genotypes AM-7 and AP-1 stood out for having superior values in key characteristics such as plant height, fresh aboveground biomass, and leaf area, making them promising candidates for the development of superior genotypes in future genetic improvement endeavors. The Tocher and UPGMA clustering methods yielded distinct group numbers, but they concurred in forming divergent Amazonian Spinach groups, confirming the existence of genetic variability among genotypes. These results suggest that the combination of these methods can be an efficient tool for selecting the most divergent genotypes with the potential to develop new cultivars. The genetic diversity uncovered in this study can be explored in future breeding programs with the aim of increasing Amazonian Spinach productivity and quality, thereby contributing to its recognition as a promising agricultural crop. Deviance analysis revealed significant genetic variability ($p < 0.01$) among Amazonian Spinach genotypes for all evaluated traits, indicating a favorable situation for selection and promising prospects for a genetic improvement program. The REML/BLUP procedure demonstrated high efficiency in classifying and ranking genotypes. Based on these results, Clone 6 was identified as the most promising candidate for selection, representing a recommended choice for future genetic improvement programs of Amazonian Spinach.

The study of individual clonal selection was divided into two stages. The first was the formation of the heterogeneous population carried out in 2020, where a plantation was formed using 2000 plants from the 16 genotypes in the UFAC germplasm bank. Each genotype contributed 127 seedlings. After 45 days of transplanting the seedlings, 200 plants ($i = 10\%$) were selected based on the following characters: Plant height, number of leaves, fresh mass of the aerial part, dry mass of the aerial part and leaf area. Among the 200 selected plants, 20 were planted in lines and subjected to selection cycles. The second part of the individual clonal selection was carried out in two selection cycles that took place in March to May 2021 and September to October 2021 respectively. The experimental design used was randomized complete blocks (DBC), with 20 treatments and four replications. Each treatment corresponded to a clone originating from the heterogeneous population of *Alternanthera Sessilis* (L.). The experimental plots consisted of 16 plants, with the four central plants of each plot being evaluated. Estimates of variance components and genetic values were obtained using the Selegen-REML/BLUP software (Resende, 2007), using model 20 (random blocks, test of unrelated clones, one plant per plot or average of installments). The values of the variance components and genetic parameters for the evaluated characters indicate an excellent possibility for individual clonal selection of genotypes using the REML/BLUP methodology. According to the analyzes carried out, clone 20 stood out in all the characters evaluated, as the most promising for selection. Therefore, for selection purposes, clone 20 is the most suitable, presenting great potential for the development of superior varieties of Amazon spinach.

Keywords: genetic divergence; genetic improvement; genotype selection.

LISTA DE TABELAS

Tabela 01 - Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área experimental no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC	38
Tabela 02 - Resumo da análise de variância e coeficientes de variação para os caracteres diâmetro do colo (DM), número de ramos (NR), número de folhas (NF), altura (AP), Largura de planta (LP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA), massa seca da parte aérea (MSPA) de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia. Rio Branco - AC, 2021	40
Tabela 03 - Contribuição relativa para os caracteres: altura de planta (AP), área foliar (AF), largura de planta (LP), número de ramos (NR), número de folhas (NF), massa fresca da parte aérea (MFPA), diâmetro do colo da planta e massa seca parte aérea (MSPA) conforme Singh (1981)	41
Tabela 04 - Médias de altura de planta, área foliar, massa fresca e massa seca de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco - AC, 2021.....	42
Tabela 05 - Estimativa de dissimilaridade de 16 genótipos de espinafre-amazônico por meio dos caracteres morfoagronômicos utilizando a distância de Mahalanobis (D2)	43
Tabela 06 - Agrupamento de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia (<i>Alternanthera sessilis</i> L.) pelo método de Tocher, por meio de caracteres morfoagronômicos, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis	44
Tabela 07 - Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área experimental no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC	59
Tabela 08 - Análise de deviance para oito características agronômicas em genótipos de Espinafre-amazônico, Rio Branco, AC, 2020	62
Tabela 09 - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, Diâmetro do colo (DM), números de ramos (NR), altura de planta (AP), largura de planta (LP), número de folhas (NF), área foliar (AF), massa fresca da parte área (MFPA) e massa seca da parte área (MSPA) em genótipos de Espinafre-amazônico, Rio Branco, AC, 2020	63
Tabela 10 - Ordem, Clone, ganho genético e novas médias dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, Ac, 2020 (continua).....	65

Tabela 11 - Ordem, Clone, valor genotípico, limite inferior, limite superior do intervalo de confiança (LIIC e LIISC, respectivamente) e acurácia dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, AC, 2020	71
Tabela 12 - Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área experimental no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC	85
Tabela 13 - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, altura de planta (AP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA), em genótipos de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos de seleção. Rio Branco - AC, 2021.....	90
Tabela 14 - Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias para altura de planta (AP) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.....	92
Tabela 15 - Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias para Área foliar (AF) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.....	93
Tabela 16 - Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias para Massa Fresca da Parte Aérea (MFPA) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.....	94
Tabela 17 - Acurácia seletiva, para os caracteres Altura de planta (AP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.....	95

LISTA DE QUADROS

- Quadro 1** - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* L. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021 37
- Quadro 2** - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* L. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021 58
- Quadro 3** - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* L. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021 84

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	12
2 REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1 ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA	13
2.2 MELHORAMENTO DE ESPÉCIES DE PROPAGAÇÃO ASSEXUADA ...	14
2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA	16
2.4 PARÂMETROS GENÉTICOS.....	18
2.5 REML/BLUP	20
2.5 SELEÇÃO CLONAL.....	22
REFERÊNCIAS	24
3 ARTIGO I	32
RESUMO	33
ABSTRACT	34
3.1 INTRODUÇÃO.....	35
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	37
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
3.4 CONCLUSÃO	48
REFERENCIAS	49
4 ARTIGO II	53
RESUMO	54
ABSTRACT	55
4.1 INTRODUÇÃO.....	56
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	58
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	62
4.4 CONCLUSÃO	74
REFERENCIAS	75
5 ARTIGO III	79

5.1 INTRODUÇÃO.....	83
5.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	84
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	89
5.4 CONCLUSÃO.....	97
6 CONCLUSÕES FINAIS.....	98

1 INTRODUÇÃO GERAL

A floresta Amazônica, o maior reservatório natural de diversidade vegetal do planeta, abriga uma impressionante variedade de mais de 15 mil espécies vegetais. Dentro desse contexto, destacam-se as Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC), um grupo de espécies muitas vezes negligenciadas, mas cujo potencial na promoção da biodiversidade alimentar, fortalecimento da segurança alimentar e nutricional, geração de renda e fomento à sustentabilidade é cada vez mais reconhecida (Jacob, 2020).

Um exemplar notável entre as PANC é o espinafre-da-Amazônia, amplamente distribuído na região amazônica brasileira. Esta planta se destaca por seu valor nutricional excepcional, com teores de proteína que podem atingir até 24% (Ferreira *et al.*, 2021). Além disso, é rica em antioxidantes e flavonoides, como apontado por Sommai *et al.* (2021), o que a torna uma fonte potencial de nutrientes essenciais e compostos bioativos para atender às necessidades nutricionais diárias do organismo. Além disso, estudos recentes têm demonstrado que os extratos dessa planta possuem diversos fitoquímicos com potencial aplicação como fonte de antimicrobianos naturais (Anuar, 2022).

Dentro desse cenário, a pesquisa genética assume um papel crucial. Sendo fundamental investigar a estrutura genética das populações do espinafre-da-Amazônia, identificar e promover o desenvolvimento de genótipos superiores que se adaptem às condições específicas de cultivo da espécie na região amazônica.

Portanto, o objetivo geral deste estudo foi selecionar clones através da seleção clonal individual e estimar a divergência genética entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, utilizando testes de agrupamento baseados em características morfoagronômicas. Além disso, buscou-se estimar parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos dos genótipos por meio da metodologia REML/BLUP.

2 REVISÃO DE LITERATURA

O estudo da variabilidade genética é fundamental para o melhoramento genético de plantas, sendo necessário conhecer às características da espécie em estudo como morfologia, propagação, botânica e cultivo. O conhecimento das técnicas e métodos de melhoramento auxiliam na execução do programa de melhoramento.

2.1 ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA

O espinafre-da-Amazônia - *Alternanthera sessilis* (L.) DC. é uma planta pertencente à família das Amarantáceas, origem na América tropical, mas agora disseminada em todos os trópicos e subtropicais do mundo (Kinupp; Lorenzi 2014; Bhuyan; Baishya; Rajak, 2018). Conhecido pelos nomes populares espinafre-amazônico, orelha-de-macaco, panelada, e ao redor do mundo por Bayam Brasil, Sambu and Samba lettuce, Brazilian spinach, Sissoo spinach e *Alternanthera sissou*. Sendo importado e introduzido em vários países do Sudeste Asiático, como Malásia e Indonésia (Alam *et al.*, 2022)

Trata-se de uma planta perene (cultivada anualmente), com caule ereto ou decumbente, atingindo até 30 cm de altura, além disso, possui folhas verde-escuras e naturalmente enroladas, Sommai *et al.* (2021) recomendaram colheita aos 15 a 30 dias após o plantio, para atingir o maior total de flavonoides conteúdo e melhor digestibilidade das folhas. flores elípticas, brancas e sésseis (Ferreira *et al.*, 2021), a planta não produz sementes férteis, mas é facilmente cultivada usando o corte do caule (Yamamoto *et al.*, 2015).

O espinafre-da-Amazônia se destaca por seu valor nutricional excepcional, com teores de proteína que podem atingir até 24% (Ferreira *et al.*, 2021). Além disso, é rica em antioxidantes e flavonoides, Sommai *et al.* (2021), teores de vitaminas A, B9, C, K, flavonoides e minerais (cálcio, ferro e potássio) (Cordeiro, 2021).

O cultivo pode ser realizado em solo fértil, arenoso ou rochoso, é capaz de tolerar habitats com temperaturas 31°C e umidade do ar até 60% (Teatrawan *et al.*, 2022). Aragão *et al.*, (2023) estudando o Cultivo e teor proteico do espinafre-da-Amazônia em função dos espaçamentos e doses de nitrogênio, verificaram que a dose de 225 kg ha⁻¹ de Nitrogênio, promove maior teor de proteína, independente do espaçamento utilizado.

Silva *et al.*, (2022) pesquisando sobre a qualidade de mudas de espinafre-da-Amazônia (produzidas com uso de substratos distintos, concluíram que uso de casca de castanha triturada e substrato comercial (1:1) sendo alternativa a produção de mudas de espinafre da Amazônia com qualidade.

2.2 MELHORAMENTO DE ESPÉCIES VEGETAIS DE PROPAGAÇÃO ASSEXUADA

A propagação assexuada consiste em multiplicar vegetativamente partes das plantas (células, tecidos, órgãos ou propágulos), originando indivíduos idênticos à planta-mãe; cada vez mais adotada mundialmente, essa técnica permite maior efetividade em capturar os ganhos genéticos obtidos nos programas de melhoramento (Wendling, 2003). A propagação assexuada apresenta inúmeras aplicações em programas de caracterização e uso do germoplasma, em programas de melhoramento e a nível comercial, com a produção de mudas uniformes e com alta qualidade genética (Viana *et al.*, 2019).

De acordo com Peixoto (2017), os principais métodos de propagação de plantas são: por sementes (sexual), apomixia e vegetativa (assexuais). Ainda conforme o autor, a propagação assexuada só é possível devido às células vivas conterem em seus núcleos toda a informação genética necessária para reproduzir uma planta inteira e idêntica à qual ela foi retirada, propriedade está denominada totipotência celular.

Conforme Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2021), o modo de reprodução da espécie é um dos fatores que definem os métodos de melhoramento que serão utilizados no desenvolvimento de cultivares e o tipo de cultivar. Ainda de acordo com os autores, as espécies de propagação vegetativa permitem que os cultivares sejam propagados sem alteração da sua constituição genética (clones), cujos casos, os direitos do melhorista, protegidos pela Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, podem não ser respeitados, com a produção de sementes não certificadas ou fiscalizadas.

A utilização da propagação assexuada se justifica para genótipos de alta qualidade, que produzem sementes em quantidade insuficiente para manter um programa de melhoramento, além de existirem espécies, que devido à ausência de estudos em relação aos sistemas de reprodução, apresentam dificuldades para a aplicação de métodos sexuais de melhoramento, como é o caso do espinafre-da-Amazônia (Ferrari; Grossi; Wendling, 2004; Ferreira; Santos, 1997)

A estratégia básica no melhoramento de espécies de reprodução assexuada baseia-se no cruzamento entre indivíduos genitores superiores, seguido por seleção clonal de indivíduos nas progênes, muitos dos quais são cultivares clonais já em uso comercial (Resende; Barbosa, 2005).

Paiva (1978), em trabalho de seleção constituído por três ensaios em duas espécies de amarantáceas (*Celósia* e *Amaranthus* L.), para consumo como espinafre na Amazônia, definiu quatro metas principais para o sucesso do melhoramento nestas espécies:

1. Seleção de espécie ou cultivar que apresente melhores características de produtividade em condições de competição;
2. Seleção rigorosa, no que concerne à resistência à floração precoce em temperaturas elevadas, além de resistência a doenças fúngicas;
3. Seleção de plantas com resistência aos nematoides (*Meloidogyne* sp.);
4. Seleção de plantas com resiliência a cortes sucessivos.

A propagação assexuada permite fixar combinações favoráveis de características importantes, composições químicas muito específicas e interações da variância genética superiores (Bisognin, 2011). Também preserva altos níveis de heterozigosidade (necessária para um alto vigor híbrido), permite a identificação e propagação de mutações espontâneas ou induzidas favoráveis, além de possibilitar a multiplicação de cultivares que não apresentam sementes viáveis (Bisognin, 2011; Glémin; Bazin; Charlesworth, 2006; Nybom, 1961).

McKey *et al.* (2010) definem a seleção clonal como a mais importante e difundida técnica de seleção em espécies de propagação assexuada. De acordo com os autores, as principais vantagens deste método são: fixação de genótipos agronomicamente valiosos, controle de genes silvestres para cultivo e facilidade de propagação. Entre as desvantagens estão: perda de alguns componentes de diversidade, maior presença de mutações deletérias, competição entre o uso de partes da planta como propágulos e seu uso como alimento, além da maior facilidade de disseminação de patógenos sistêmicos.

2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA

Uma forma de prever a variabilidade genética no melhoramento vegetal é através da estimativa da distância genética com base em características morfológicas e fenotípicas (Hosan *et al.*, 2011). A seleção de genitores para serem intercruzados visando a formação de uma população base é muito importante, permitindo identificar os genótipos, buscando-se combinações que proporcionem à população base ampla variabilidade genética e alta média para o caráter a ser selecionado (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2020).

A pesquisa com recursos genéticos é essencial para o estudo e a conservação da diversidade genética entre genótipos, o que constitui a base para programas de melhoramento (Rocha *et al.*, 2009). Ao longo das últimas décadas houve um aprimoramento das técnicas estatísticas utilizadas para a análise de dados referentes à caracterização e avaliação de germoplasma, com o aumento no uso de técnicas multivariadas para quantificação da diversidade genética tendo sido verificado, uma vez que essas análises permitem considerar simultaneamente inúmeras características (Sudré *et al.*, 2007).

Nick *et al.* (2010) definem a diversidade genética como um elemento sobremaneira importante, uma vez que o sucesso do programa de melhoramento fundamenta-se na presença de variabilidade para a característica que se deseja melhorar, tornando-se indispensável a realização de pré-melhoramento para a avaliação e caracterização dos recursos genéticos disponíveis.

Trabalhos dessa natureza são capazes de identificar diferenças genotípicas entre indivíduos de uma população, de forma que sejam descritas as potencialidades e aptidões de cada um, provendo aos melhoristas informações úteis à seleção de genótipos que se adaptem às necessidades dos programas de melhoramento da cultura (Araújo *et al.*, 2014; Nick *et al.*, 2010).

Entre as medidas que podem ser utilizadas como métricas de distância ou dissimilaridade, auxiliando na estimativa da diversidade genética em uma população, destaca-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Mahalanobis, 1936). Esta medida considera a covariância (Σ) para o cálculo de distâncias, levando em consideração a estrutura de correlação existente nos dados (Albuquerque, 2005).

A aplicação desta técnica é útil em programas de melhoramento genético, pois permite a coleta de informações sobre o grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos (CRUZ *et al.*, 2014). A distância generalizada de Mahalanobis (D^2) pode ser utilizada quando várias características são medidas em genótipos distintos, uma vez que adota as médias, considerando as características correlacionadas e a matriz de covariância residual, sendo necessário um experimento com repetições (RODRIGUES *et al.*, 2017; ELIAS *et al.*, 2007; CRUZ *et al.*, 2014).

A distância de Mahalanobis (D^2) tem a vantagem, em relação às distâncias euclidianas, de levar em consideração as respostas correlacionadas entre os caracteres considerados, podendo ser obtida pela expressão (Mahalanobis, 1936; Santos *et al.*, 2022):

$$D_{ii}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

D_{ii}^2 é a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ é a matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ é o vetor de variâncias.

O método de otimização de Tocher, conforme descrito por Cruz, Ferreira e Personi (2011), é um método de agrupamento que se baseia na formação de grupos cujas distâncias dentro dos grupos sejam menores que as distâncias entre os grupos. Ao final do processo, obtém-se o número de grupos e os acessos contidos em cada (Faria *et al.*, 2012). Este método, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares (Silva, 2012).

Esse par (i e i'), constitui as duas populações menos divergentes (menor D_{ii}^2), que formarão o primeiro grupo. Em seguida, avalia-se a inclusão neste grupo de uma terceira população mais similar. Se o valor médio da distância não ultrapassar um valor máximo pré-estabelecido, efetiva-se a sua inclusão (Cintra, 2005).

Também baseado na distância de Mahalanobis, o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Paired Group Method Using Averages*), inicialmente descrito por Sneath e Sokal (1973), calcula a média aritmética das similaridades ou distâncias entre um objeto candidato e cada um dos membros do agrupamento anteriormente formado. Com todos os objetos recebendo pesos iguais no cálculo, a matriz de distância é

atualizada e reduzida em tamanho a cada passo do agrupamento, que é formado por aglomeração (Legendre; Legendre, 1998; Ximenes, 2017).

O método de agrupamento UPGMA permite o estabelecimento de grupos de indivíduos, de forma que exista heterozigose entre grupos e homozigose dentro dos grupos, aumentando a eficiência das estimativas de diversidade genética nas populações (Cruz; Carneiro; Regazzi, 2014; Lucena; Dantas, 2015).

2.4 PARÂMETROS GENÉTICOS

O conhecimento da natureza e da variabilidade genética da população é fundamental para o sucesso do programa de melhoramento genético de uma cultura, pois permite expressar o potencial da mesma para a seleção, além de permitir a transformação do componente da biodiversidade em um recurso genético com valor econômico no mercado (Araújo *et al.*, 2014; Clement, 2001; Lakshamma *et al.*, 2005).

O sucesso do melhoramento genético de qualquer caráter, requer, obrigatoriamente, que este seja herdável e que haja variação genética na população em que se pratica a seleção, adotando-se para isso o modelo básico $F = G + M$, que define o valor fenotípico (F), estimado a partir dos dados diretamente mensurados nos indivíduos, como resultado da ação do genótipo (G), ou valor genotípico, sob influência do meio (M) ambiente (Cruz, 2012; VAL, 2014).

Nesta linha, a estimativa dos parâmetros genéticos é essencial, uma vez que permite conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção e a magnitude das estimativas de herdabilidade, fornecendo subsídios para a definição de estratégias de seleção, bem como auxiliando a predição dos ganhos obtidos (Araújo *et al.*, 2014; Fehr, 1987).

De acordo com Leite *et al.* (2015), a complexidade das características mais importantes requer o uso de técnicas de seleção cada vez mais apuradas, baseadas em estimativas de parâmetros genéticos para a mensuração da variabilidade genética nas populações, e com base no conhecimento do grau de associação, ou seja, as correlações genéticas existentes entre os caracteres de interesse.

O estudo e a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos como variâncias, coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética e razão

CV_g/CV_e de uma população que se pretende explorar para o melhoramento genético permite fazer inferências sobre a variabilidade genética que esta apresenta e o que pode se esperar de ganho com seleção (Leite *et al.*, 2015). Estas estimativas ainda possibilitam a definição da melhor estratégia de seleção a ser adotada (Correa *et al.*, 2003).

Os parâmetros genéticos dos caracteres devem ser estimados, pois elementos como a herdabilidade são indicativos da fração dos genes de efeito genético aditivo que podem ser passados de geração a geração (Marques *et al.*, 2013). A estimativa da correlação entre características de interesse, por sua vez, irá indicar quanto da mudança genética de uma variável poderá influenciar diretamente na outra (Gunki *et al.*, 2001).

De forma geral, a herdabilidade de um caráter, em uma população, é o parâmetro que irá determinar a estratégia a ser usada em seu melhoramento, pois mede a capacidade de transmissão desse caráter à sua progênie (Garnero *et al.*, 2010). Allard (1999) define a herdabilidade como uma medida de influência genética que informa que parte da variação da população em um fenótipo pode ser atribuída à variação no genótipo, possibilitando estimativas como o ganho genético esperado com a seleção.

A herdabilidade pode ser estimada no sentido amplo como sendo a proporção da variabilidade observada ocasionalmente por efeito dos genes, ou no sentido restrito, que é a proporção da variabilidade observada ocasionalmente somente por efeitos aditivos dos genes (Carvalho *et al.*, 2001; Jung *et al.*, 2008). Para o melhoramento genético, a herdabilidade no sentido restrito é a mais adequada, uma vez que estima somente a aditividade, que é a porção herdável da variância genética, ou o que pode ser passado de geração a geração por meio da seleção (Jung *et al.*, 2008).

Quando se explora a variabilidade genética por meio da seleção sobre determinado caráter, outras variáveis podem ser simultaneamente alteradas, devido às correlações genéticas entre elas (Vencovsky, 1978). As correlações podem ser explicadas por dois fatores distintos: a ligação física dos genes que estão no mesmo cromossomo, e afetam diferentes características, e pelo efeito de um mesmo gene em mais de uma característica (pleiotropia), sendo de vital importância conhecer e quantificar este parâmetro para o sucesso do programa de melhoramento genético (Correa *et al.*, 2012).

2.5 REML/BLUP

A predição de valores genéticos e os métodos de seleção dependem, essencialmente, das estimativas de componentes de variância (RESENDE, *et al.*, 1996). Diante disso, métodos de predição de valores genéticos como o de melhor preditor linear não viesado (BLUP), fundamentados no conhecimento ou estimação precisa dos componentes de variância genética e fenotípica, são essenciais, permitindo se trabalhar com certo grau de desbalanceamento, sendo, no entanto, também aplicado para dados em nível balanceado (Hayes; Hill, 1980; Henderson, 1975; Resende, 2002).

Visando eliminar os vícios do método de máxima verossimilhança (ML), Patterson e Thompson (1971) apresentaram uma modificação deste método, o qual passou a ser denominado de máxima verossimilhança restrita ou residual (REML) por Corbeil e Searle (1976) e Harville (1977). Em decorrência do aperfeiçoamento de natureza estatística, o método REML tornou-se, recentemente, o principal método de estimação de componentes de variância, e vem sendo amplamente empregado em melhoramento vegetal (RESENDE, *et al.*, 1996).

O REML foi baseado no método de verossimilhança, mantendo as características de não ser viesado e de impor restrições de não negatividade, no entanto, houve alterações realizadas com o intuito de utilizá-lo em qualquer tipo de análise de variância, fornecendo estimativas separadas para os efeitos fixos e aleatórios, possibilitando bons resultados em trabalhos com dados desbalanceados (Bernardo, 2010; Silva, 2016).

Entre as principais vantagens do método proposto por Patterson e Thompson (1971) estão a estimação dos parâmetros genéticos de maneira não tendenciosa, consideração da covariância genética entre as observações e ponderação de genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações, considerado assim mais eficaz que os métodos dos mínimos quadrados para a seleção de genitores, clones e famílias (Silva, 2016).

De acordo com Carvalho *et al.* (2016), a análise REML/BLUP pode se basear nas seguintes premissas: produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Quanto menor for o desvio-padrão do comportamento genotípico entre dois locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos. Desta forma, a seleção pelos maiores

valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente na seleção para produtividade e estabilidade. Ainda de acordo com os autores, a adaptabilidade, por sua vez, refere-se à performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) através dos ambientes Resende (2007).

Conforme Resende (2007), as principais vantagens práticas do REML/BLUP são: a) permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo e espaço; b) permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; c) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos) e d) pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais.

Trabalhos utilizando a metodologia REML/BLUP em diferentes espécies vegetais são comuns na literatura. Tosse (2015), em trabalho visando selecionar linhagens de alface-crespa com características de adaptabilidade e estabilidade em diferentes locais e épocas de cultivo em São Paulo, utilizou o método REML/BLUP para esse fim. A autora observou que a linhagem L2 foi individualmente superior às demais linhagens avaliadas, sendo uma excelente opção de cultivo durante o ano todo.

O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento de genótipos de batata-doce, especialmente em casos de desbalanceamento, de acordo com Borges *et al.* (2010). Os autores destacam que valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos pesquisadores, pois estes são os verdadeiros valores a serem preditos, com o clone CL-6 melhor classificado entre os cinco clones de batata-doce avaliados, sendo, para efeito de seleção, o mais adequado.

Freitas *et al.* (2013), por sua vez, observou que o procedimento REML/BLUP apresenta os melhores ganhos genéticos preditos. O método REML/BLUP permitiu a seleção de genótipos de laranja-doce com base nos dados de oito safras, em trabalho conduzido por Capistrano *et al.* (2021). Os autores obtiveram valores genotípicos previstos ($u + g$) muito próximos da nova média para todas as variáveis estudadas, o que refletiu em um desempenho relativo acima de 94%, o que evidencia o acerto da metodologia REML/BLUP, permitindo assim a seleção dos genótipos 14 e 47 entre os 11 estudados (mais produtivos e adequados para fins de seleção).

2.5 SELEÇÃO CLONAL

A seleção clonal é o método de seleção amplamente empregado para as espécies de propagação vegetativa, sendo praticado de forma sequencial, iniciando-se com a seleção de plantas individuais, as quais são clonadas para serem avaliadas em parcelas de várias plantas ou repetições, e assim sucessivamente, até a obtenção de clones superiores (Peixoto, 2009).

Muitas das principais culturas alimentares da atualidade são propagadas por clonagem, com muitos genótipos sendo criados por reprodução sexuada e multiplicados por seleção clonal (Bradshaw, 2016; Gemenet; Khan, 2017). De acordo com Werner *et al.* (2023), os novos genótipos são testados primeiro como mudas em ensaios não replicados durante a fase inicial do programa de melhoramento, com a propagação clonal sendo responsável por criar plantas geneticamente idênticas a partir de mudas selecionadas, possibilitando o teste de genótipos em parcelas clonais, utilizando múltiplas repetições, ambientes e anos.

Conforme Resende e Higa (1994), os melhores indivíduos selecionados com base em valores genéticos aditivos não serão, necessariamente, os melhores para um programa de clonagem. Para os autores, na seleção de indivíduos para testes clonais, torna-se necessário adotar um modelo que leve em consideração os efeitos gênicos não aditivos, classificando os indivíduos por mérito genotípico, usando-se dessa forma o termo valor genotípico para indicar que se está interessado na seleção de genótipos superiores para clonagem e não na captura de alelos com vistas ao melhoramento populacional.

Em plantas de propagação assexuada, a seleção clonal é empregada como parte dos procedimentos no que concerne à introdução de plantas e melhoramento por hibridação, sendo necessária a presença de indivíduos superiores para a obtenção de clones (Fehr, 1987; Poehlman; Sleper, 1995).

Para este método de seleção em específico, a intensidade de seleção deve ser branda no início das avaliações, exceto quando se tratar de características com alta herdabilidade, e somente quando o número de indivíduos for suficientemente elevado para minimizar os impactos da variância ambiental, a seleção deve ser intensificada (PINTO *et al.*, 2002). Para a seleção clonal, a obtenção de resultados favoráveis somente é assegurada quando as avaliações forem feitas em vários locais e anos, com a ocorrência de variações, uma vez não atribuídas às causas ambientais,

explicadas por outros fatores diversos, como as mutações (Pinto *et al.*, 2002; Poehlman; Sleper, 1995).

Desta forma, a propagação vegetativa pode ser considerada uma ferramenta de difusão do progresso genético obtido pela seleção, seja no programa de melhoramento clássico, seja no programa de melhoramento de híbridos ou na multiplicação de indivíduos superiores puros ou híbridos, sendo a base para a aplicação de técnicas de propagação clonal e a seleção de clones (Oda *et al.*, 2007).

REFERÊNCIAS

- ALAM, A.; RAHMAT, N, A.; MIJIN, S.; RAHMAN, S. Influence of Palm Oil Mill Effluent (POME) on growth and yield performance of Brazilian spinach (*Alternanthera sissoo*). **Journal of agrobiotechnology**, v. 13, n 1, p. 40-49. 2022.
- ALBUQUERQUE, M. A. de. **Estabilidade em análise de agrupamento**. 2005. 64 f. (Mestrado em Biometria) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2005. Disponível em: <http://www.tede2.ufrpe.br:8080/tede2/handle/tede2/5178>. Acesso em: 02 set. 2023.
- ALLARD, R. W. **Principies of plant breeding**. New York: John Wiley & Sons, 1999.
- ANUAR, A. K. K. A comparative study on phytochemical constituents and antimicrobial activity of *Alternanthera sissoo* extracts. **Enhanced Knowledge in Sciences and Technology**, v. 2, n. 2, p. 043-051, 2022. Disponível em: <https://publisher.uthm.edu.my/periodicals/index.php/ekst/article/view/5520>. Acesso em: 01 set. 2023.
- ARAGÃO, A. C. J.; LIMA, M. S.; TORRES, N. S.; NASCIMENTO, M. M.; MING, L. C.; FEIRREIRA, A. B. Cultivo e teor proteico do espinafre-da-Amazônia (*Alternanthera sessilis* (L.) R.Br. ex DC) em função dos espaçamentos e doses de nitrogênio. **Scientia Naturalis**, v. 5, n. 1, p. 303-320, 2023.
- ARAÚJO, G. da S.; OSUNA, J. T. A.; PASSOS, A. R.; NASCIMENTO, M. N. do; SANTOS, K. S. dos. Estimativas dos parâmetros genéticos e correlações entre caracteres morfoagronômicos em progênies de *Ageratum conyzoides* L. **Magistra**, v. 26, n. 4, p. 515–523, 2014. Disponível em: <https://www3.ufrb.edu.br/magistra/index.php/magistra/article/view/486>. Acesso em: 04 jul. 2023.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010.
- BHUYAN, B.; BAISHYA, K.; RAJAK, P. Effects of *Alternanthera sessilis* on Liver Function in Carbon Tetra Chloride Induced Hepatotoxicity in Wister Rat Model. **Indian journal of clinical biochemistry**, v. 33, n. 2, p. 190–195, abr. 2018. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29651210/>. Acesso em: 10 ago. 2023.
- BISOGNIN, D. A. Breeding vegetatively propagated horticultural crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 35–43, jun. 2011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/JLNSzyYxYCyZFhNqfKmtXCt/>. Acesso em: 20 mai. 2023.
- BORÉM, A.; GLAUCO, V. M.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. Disponível em: http://ofitexto.arquivos.s3.amazonaws.com/degustacao/melhoramento-de-plantas-8ed_deg.pdf. Acesso em: 01 set. 2023.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, p. 643–649, dez. 2010. Disponível em: <https://www>.

scielo.br/j/asagr/a/YDQydwpZLm6KCT6KPGkd6wQ/?lang=pt. Acesso em: 14 set. 2023.

BRADSHAW, J. **Plant breeding: past, present and future**. Springer: Cham, 2016. 527 p.

CAPISTRANO, M. da C.; ANDRADE NETO, R. de C.; SANTOS, V. B. dos; LESSA, L. S.; RESENDE, M. D. V. de; MESQUITA, A. G. G.; GURGEL, F. de L. Use of the REML/BLUP methodology for the selection of sweet orange genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, p. 1–11, set. 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/Pj9Bb7jwRGZtRYpmnhpmMFC/>. Acesso em: 01 set. 2023.

CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPEL, 2001.

CARVALHO, L. P. D.; FARIAS, F. J. C.; MORELLO, C. D. L.; TEODORO, P. E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 314–321, jun. 2016. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0006-87052016000300314&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 03 fev. 2023.

CINTRA, M. M. D. F. **Divergência genética entre acessos de açafrão (*Curcuma longa* L.) utilizando caracteres morfoagronômicos**. 2005. 87 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005. Disponível em: <http://repositorio.bc.ufg.br/tede/handle/tede/3648>. Acesso em: 05 jul. 2023.

CLEMENT, C. R. Melhoramento de espécies nativas. *In*: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (eds.). **Recursos genéticos & melhoramento: plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso -Fundação MT, 2001. p. 423–441. Disponível em: <https://xdocz.com.br/doc/artigo-melhoramento-de-especies-nativas-clement-2001-280lvmw p7g8w>. Acesso em: 01 set. 2023.

CORDEIRO, S. Z. ***Alternanthera sessilis* (L.) R.Br. ex DC**: Herbário". 2020. www.unirio.br. Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://www.unirio.br/ccbs/ibio/herbariohuni/alternanthera-sessilis-l-r-br-ex-dc>. Acesso em: 13 abr. 2022.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. D. A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, v. 59, n. 1, p. 88–94, fev. 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-737X2012000100013&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 10 mai. 2023.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C.; DESTRO, D.; SOUZA, L. C. F.; ALVES SOBRINHO, T. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, v. 3, n. 3, p. 223–230, 2003. Disponível em: <https://www.proquest.com/openview/87f11ab521cbdb157b6fd3889b1e2794/1?pq-origsite=gscholar&cbl=2045979>. Acesso em: 20 ag. 2023.

CRUZ, C. D. Componentes da variância genotípica. *In*: CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2012. p. 109–150.

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

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Diversidade genética baseada em informações fenotípicas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2020. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/288608812>. Acesso em: 13 set. 2023.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R. da; FINGER, F. L.; SILVA, F. F. e; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, p. 428–432, set. 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/xZLJWnm77Lsfqfd6Q7LZqCp/?lang=pt>. Acesso em: 13 set. 2023.

FEHR, W. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/212817093.pdf>. Acesso em: 14 set. 2023.

FERRARI, M. P.; GROSSI, F.; WENDLING, I. **Propagação vegetativa de espécies florestais**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2004. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215024/1/doc94.pdf>. Acesso em: 16 nov. 2022.

FERREIRA, A. B.; CRUZ, K. S. da; NASCIMENTO, M. M. do; LIMA, M. S. de; TORRES, N. S.; JUNIOR, A. C. de A. Physicochemical analysis of Brazilian spinach grown under doses of urea. **Scientia Agraria Paranaensis**, , p. 365–370, dez. 2021. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/28202>. Acesso em: 01 set. 2023.

FERREIRA, M. P.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *eucalyptus* no Brasil breve histórico e perspectivas. *In*: CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA E MELHORAMENTO DE EUCALIPTOS, 1., 1997. **Anais [...]**. Salvador: Embrapa Florestas, 1997. v. 1, p. 178–182. Disponível em: https://www.eucalyptus.com.br/artigos/1997_Melhoramento+florestal+eucalipto+Brasil.pdf. Acesso em: 15 jun. 2023.

FREITAS, I. L. de J.; AMARAL JUNIOR, A. T. do; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. da S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. da C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1464–1471, nov. 2013. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/LbtKNXsb6dQyD3XdzhSSGHj/>. Acesso em: 14 set. 2023.

GARNERO, A. V.; MUÑOZ, M. C. C. D.; MARCONDES, C. R.; LÔBO, R. B.; LIRA, T.; GUNSKI, R. J. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama

na raça Nelore. **Archivos de Zootecnia**, v. 59, n. 226, p. 307–310, jun. 2010. Disponível em: https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0004-05922010000200019&lng=es&nrm=iso&tlng=pt. Acesso em: 14 set. 2023.

GEMENET, D. C.; KHAN, A. **Opportunities and challenges to implementing genomic selection in clonally propagated crops**. In: VARSHNEY, R. K.; ROORKIWAL, M.; SORRELLS, M. E. Genomic selection for crop improvement. Springer: Cham, p. 185-198, 2017.

GLÉMIN, S.; BAZIN, E.; CHARLESWORTH, D. Impact of mating systems on patterns of sequence polymorphism in flowering plants. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 273, n. 1604, p. 3011–3019, dez. 2006. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1639510/>. Acesso em: 13 set. 2023.

GNANARAJ, W. E.; SUBRAMANIAN, M.; NALLYAN, S. Micropropagation of *Alternanthera sessilis* (L.) using shoot tip and nodal segments. **Iranian Journal of Biotechnology**, v. 9, n. 3, p. 206–212, jul. 2011. Disponível em: https://www.ijbiotech.com/article_7156_017381540d39c8df07a7520a6541c8d1.pdf. Acesso em: 18 dez. 2022.

GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. del V.; BORJAS, A. de los R.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. **Ciência Rural**, v. 31, p. 603–607, ago. 2001. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/FJRPM9mz7Nq9fKdstrYWcbr/>. Acesso em: 05 jun. 2023.

HARVILLE, D. A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistical Association**, v. 72, n. 358, p. 320–338, jun. 1977. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2286796>. Acesso em: 06 fev. 2023.

HAYES, J. F.; HILL, W. G. A reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. **Biometrics**, v. 36, n. 2, p. 237–248, jun. 1980. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7407312/>. Acesso em: 08 fev. 2023.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423–447, jun. 1975. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1174616/>. Acesso em: 08 fev. 2023.

HOSAN, S.; SULTANA, N.; IFTEKHARUDDUALA, K.; AHMED, N.; MIA, S. Genetic Divergence in Landraces of Bangladesh Rice (*Oryza sativa* L.). **The Agriculturists**, v. 8, n. 2, p. 28–34, mar. 2011. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Shamim-Mia-2/publication/301554215>. Acesso em: 15 fev. 2022.

JACOB, M. M. Biodiversidade de plantas alimentícias não convencionais em uma horta comunitária com fins educativos. **DEMETRA: Alimentação, Nutrição & Saúde**, v. 15, n.1, p. 1-18, jan. 2020. Disponível em: <https://www.e-publicacoes.uerj.br/index.php/demetra/article/view/44037>. Acesso em: 20 fev. 2023.

JUNG, M. S.; VIEIRA, E. A.; BRANCKER, A.; NODARI, R. O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 1, p. 209–214, mar. 2008. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-29452008000100038&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 04 set. 2023.

KINUPP, V. F.; LORENZI, H. **Plantas alimentícias não convencionais (PANC) no Brasil**: guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora. 2014.

LAKSHMAMMA, P.; PRAYAGA, L.; MOHAN, Y. C.; LAVANYA, C. Genetic variability and character association in castor (*Ricinus communis* L.). **National Journal of Plant Improvement**, v. 7, n. 2, p. 122–126, 2005. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20063039892>. Acesso em: 04 set. 2023.

LEGENDRE, P.; LEGENDRE, L. **Numerical Ecology**. 2. ed. Amsterdam: Elsevier, 1998. Disponível em: https://files.cercomp.ufg.br/weby/up/417/o/Numerical_Ecology.pdf?1458165083. Acesso em: 13 set. 2023.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; FILHO, C. H. A. M.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. de. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 3, n. 4, p. 241–245, dez. 2015. Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/nativa/article/view/2303>. Acesso em: 14 set. 2023.

LUCENA, R. S.; DANTAS, J. L. L. Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. **Magistra**, v. 27, n. 1, p. 101–109, 2015. Disponível em: <https://www3.ufrb.edu.br/magistra/index.php/magistra/article/view/371>. Acesso em: 13 jun. 2023.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalised distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**, v. 2, n. 1, p. 49–55, 1936.

MARQUES, E. G.; MAGNABOSCO, C. U.; LOPES, F. B.; SILVA, M. C. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento, carcaça e perímetro escrotal de animais da raça nelore avaliados em provas de ganho em peso em confinamento. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 1, p. 159–167, mar. 2013. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/11759>. Acesso em: 20 jun. 2023.

MCKEY, D.; ELIAS, M.; PUJOL, B.; DUPUTIÉ, A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, v. 186, n. 2, p. 318–332, jan. 2010. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1469-8137.2010.03210.x>. Acesso em: 20 jun. 2023.

NICK, C.; CARVALHO, S. P. D.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. D. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, v. 69, n. 2, p. 289–298, 2010. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0006-87052010000200005&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 20 jun. 2023.

NYBOM, N. The use of induced mutations for the improvement of vegetatively propagated plants. *In*: NYBOM, N. **Mutation and Plant Breeding**. Washington, DC: National Academy of Science - National Research Council, 1961. p. 252-294.

ODA, S.; MELLO, E. J. de; SILVA, J. F. da; SOUZA, I. C. G. de. **Melhoramento Florestal**. *In*: BORÉM, A. Biotecnologia Florestal. 1. ed. Viçosa: UFV, v. 1, p. 123-142, 2007.

PAIVA, W. O. D. Amarantáceas: Nova opção de espinafres tropicais para a Amazônia. **Acta Amazonica**, v. 8, n. 3, p. 357–363, set. 1978. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0044-59671978000300357&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 20 jun. 2023.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, dez. 1971. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2334389>. Acesso em: 18 jul. 2023.

PEIXOTO, P. H. P. **Propagação das plantas: princípios e práticas**. Juiz de Fora: Departamento de Botânica ICB/UFJF, 2017. Disponível em: <https://www.ufjf.br/fisiologiavegetal/files/2018/07/1.-Apresenta%C3%A7%C3%A3o.pdf>. Acesso em: 9 set. 2022.

PEIXOUTO, L. S. **Seleção de famílias vs seleção clonal nas fases iniciais do melhoramento da batata**. 2009. 97 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

POEHLMAN, J. M; SLEPER, D. **A Breeding field crops**. 4. ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 494 p.

PINTO, A. C. de Q.; SOUZA, V. A. B. de; ROSSETO, C. J.; FERREIRA, F. R.; COSTA, J. G. da. **Melhoramento genético**. *In*: GENUÍ, P. J. de C.; PINTO, A. C. de Q. A cultura da mangueira. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 452 p

RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2007. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/290975>. Acesso em: 09 jul. 2023.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2002.

RESENDE, M.D.V. Genetica Quantitativa e de Populacoes. Vicoso, 2015.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. **Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes**. *In*: EMBRAPA FLORESTAS. Boletim de Pesquisa Florestal. Embrapa Florestas, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. de. Estimaco de componentes de varincia e predico de valores genticos pelo mtodo da mxima verossimilhana restrita (REML) e melhor predico linear no viciada (BLUP) em Pinus. **Parte do Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32/33, n. 1, p. 23–42, jan. 1996. Disponvel em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPF-2009-09/4917/1/mresende1.pdf>. Acesso em: 09 jul. 2023.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento gentico de plantas de propagao assexuada**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2005. Disponvel em: <https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/286194/melhoramento-genetico-de-plantas-de-propagacao-assexuada>. Acesso em: 09 jul. 2023.

ROCHA, M. C.; GONALVES, L. S. A.; CORRA, F. M.; RODRIGUES, R.; SILVA, S. L.; ABOUD, A. C. D. S.; CARMO, M. G. F. D. Descritores quantitativos na determinao da divergncia gentica entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Cincia Rural**, v. 39, n. 3, p. 664–670, jul. 2009. Disponvel em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782009000300006&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 18 mai. 2023.

SANTOS, T. G. dos; NETO, J. L. P.; CHAVES, S. F. da S.; ALVES, R. M.; SILVA, A. B. M. da; JOSE, A. R. M. Caracterizao da estrutura gentica de uma populao de cupuazeiro coletada em floresta primria. **Revista Brasileira de Cincias Agrrias**, v. 17, n. 4, p. 1–8, dez. 2022.

SILVA, A. R. da. **Mtodos de agrupamento: avaliao e aplicao ao estudo de divergncia gentica em acessos de alho**. 2012. 82 f. Dissertao (Mestrado em estatstica aplicada e biometria) – Universidade Federal de Viosa, Viosa, MG, 2012. Disponvel em: <https://locus.ufv.br//handle/123456789/4045>. Acesso em: 18 jun. 2023.

SILVA, F. A. M. da. **REML/BLUP para predico de valores genotpicos de topcrosses e seleo de testadores em milho**. 2016. 57 f. Dissertao (mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Cincias Agrrias e Veterinrias, Jaboticabal, 2016. Disponvel em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/137918>. Acesso em: 18 jun. 2023.

SILVA, M. C.; OLIVEIRA, R. V.; SOUZA, J. K. M.; SILVA, M. C.; MOURA, P. A.; LIMA, A. P. A.; FERREIRA, R. L. F. Qualidade de mudas de espinafre da Amaznia (*Alternanthera sessilis*) produzidas com uso de substratos distintos. **Scientia Naturalis**, v. 4, n. 2, p. 489-498, 2022.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy** : the principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973.

SOMMAI, S.; CHERDTHONG, A.; SUNTARA, C.; SO, S.; WANAPAT, M.; POLYORACH, S. In vitro fermentation characteristics and methane mitigation responded to flavonoid extract levels from *Alternanthera sissou* and dietary ratios. **Fermentation**, v. 7, n. 3, p. 1-15, 2021. Disponvel em: <https://www.mdpi.com/2311-5637/7/3/109>. Acesso em: 14 set. 2023.

SUDRÉ, C. P.; LEONARDECZ, E.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; MOURA, M. da C.; GONÇALVES, L. S. Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. **Horticultura Brasileira**, v. 25, p. 496–503, dez. 2007.

TEATRAWAN, I.A., MADYANINGRANA, K., ARIESTANTI, C.A., & PRIHATMO, G. Pemanfaatan Limbah Ampas Coffea canephora sebagai Pupuk Pendukung Pertumbuhan Altenanthera sissou. Bioma : **Jurnal Biologi Dan Pembelajaran Biologi**. v.7. n 1, p.90–104. 2022.

TOSSE, D. E. T. **Linhagens de alface crespa resistentes a *Bremia lactucae* e interação genótipo x ambiente**. 2015. 68 f. Tese (Doutorado em agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2015. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/128168>. Acesso em: 20 mai. 2023.

VAL, B. H. P. **Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens avançadas de soja**. 2014. 68 f. Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2014. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/115841?show=full>. Acesso em: 09 jul. 2023.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATTERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: Marprint, 1978. p. 122–201.

VIANA, M. L.; FALEIRO, F. G.; OLIVEIRA, J. da S.; VIANA, C. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Potencial de enraizamento de diferentes acessos silvestres e comerciais de *Passiflora* spp. **Magistra**, v. 30, n. 1, p. 286–295, out. 2019. Disponível em: <https://www3.ufrb.edu.br/magistra/index.php/magistra/article/view/588>. Acesso em: 11 set. 2023.

WENDLING, I. Propagação vegetativa. In: SEMANA DO ESTUDANTE UNIVERSITÁRIO, 1., 2003. **Anais** [...]. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2003. v. 1, p. 6. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/50925/1/Wending.pdf>. Acesso em: 01 jun. 2023.

WERNER, C. R.; GAYNOR, R. C.; SARGENT, D. J.; LILLO, A.; GORJANC, G.; HICKEY, J. M. Genomic selection strategies for clonally propagated crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 136, n. 74, 2023.

XIMENES, L. C. **Avaliação de métodos de agrupamento para a classificação da capacidade produtiva de um trecho da Floresta Nacional do Tapajós – PA**. 2017. 72 f. Dissertação (Mestrado em ciências florestais) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2017. Disponível em: <http://acervo.ufvjm.edu.br/jspui/handle/1/1380>. Acesso em: 13 set. 2023.

Yamamoto, S., M. Kawanishi e S. Nishimura. Pesquisa de Padrões Dietéticos e Consumo de Alimentos nos Estados Federados da Micronésia: Um Estudo de Caso na Ilha Pingelap, Estado de Pohnpei. **Agricultura Tropical e Desenvolvimento**, V.59, n. 4. p.161-169 . 2015.

3 ARTIGO I

**DIVERGÊNCIA MORFOAGRONÔMICA ENTRE GENÓTIPOS DE
ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA: IDENTIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS
PROMISSORAS PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO**

RESUMO

O espinafre-amazônico, planta alimentícia não convencional com grande potencial de produção e excelentes propriedades nutritivas, porém ainda pouco explorada cientificamente e tecnologicamente. Neste estudo, objetivou-se verificar a divergência genética entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia com base em caracteres morfoagronômicos. O experimento foi conduzido em Rio Branco-Acre, de março a junho de 2020, em delineamento de blocos ao acaso, com 16 tratamentos e quatro repetições. Foram avaliados os caracteres aos 45 dias após o transplante das mudas, sendo: diâmetro do colo, número de ramos por planta, altura da planta, largura da planta, número de folhas, área foliar, massa fresca e seca da parte aérea. A análise de variância indicou diferenças altamente significativas ($p < 0,01$; que equivale a acurácia de 0.92, conforme Resende e Alves, 2022) para todos os caracteres avaliados, evidenciando a diversidade entre os genótipos de espinafre-da-Amazônia. A existência de divergência genética justifica a formação de novas populações para futuros programas de melhoramento. Os genótipos AM-7 e AP-1 se destacaram por apresentarem valores superiores em características importantes, como altura da planta, massa fresca da parte aérea e área foliar, o que os torna promissores para a formação de genótipos superiores em futuros trabalhos de melhoramento genético. Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA mostraram números de grupos distintos, mas houve concordância na formação de grupos divergentes de espinafre-da-Amazônia, corroborando a existência de variabilidade genética entre os genótipos. Esses resultados indicam que a combinação desses métodos pode ser uma ferramenta eficiente para a seleção de genótipos mais divergentes e com potencial para o desenvolvimento de novas cultivares. A diversidade genética encontrada nesse estudo pode ser explorada em futuros programas de melhoramento, visando aumentar a produtividade e a qualidade do espinafre-da-Amazônia, contribuindo para sua valorização como cultura agrícola promissora.

Palavras-chave: *Alternanthera sessilis* (L.) DC.; variabilidade genética; planta alimentícia não convencional; dissimilaridade genética.

ABSTRACT

Amazon spinach is an unconventional food plant with significant production potential and excellent nutritional properties; however, it remains relatively underexplored both scientifically and technologically. This study aimed to assess genetic divergence among 16 genotypes of Amazon spinach based on morpho-agronomic traits. The experiment was conducted in Rio Branco, Acre, from March to June 2020, using a randomized complete block design with 16 treatments and 4 replications. Various traits were evaluated 45 days after transplanting the seedlings, including stem diameter, number of branches per plant, plant height, plant width, number of leaves, leaf area, fresh aboveground mass, and dry aboveground mass. Analysis of variance revealed highly significant differences ($p < 0.01$) for all evaluated traits, indicating diversity among Amazon spinach genotypes. The existence of genetic divergence justifies the formation of new populations for future breeding programs. Genotypes AM-7 and AP-1 stood out due to their superior values in important characteristics such as plant height, fresh aboveground mass, and leaf area, making them promising candidates for the development of superior genotypes in future genetic improvement efforts. Tocher and UPGMA clustering methods showed different numbers of distinct groups, but there was consensus in the formation of divergent groups of Amazon spinach, confirming the presence of genetic variability among the genotypes. These results suggest that the combination of these methods can be an effective tool for selecting more divergent genotypes with potential for the development of new cultivars. The genetic diversity found in this study can be explored in future breeding programs with the aim of increasing the productivity and quality of Amazon spinach, thereby contributing to its recognition as a promising agricultural crop.

Keywords: *Alternanthera sessilis* (L.) R. Br. Ex DC.; genetic variability; unconventional food plant; genetic dissimilarity.

3.1 INTRODUÇÃO

No mundo, existem aproximadamente 390 mil espécies de plantas, entretanto, ao longo dos últimos cem anos, o número de plantas consumidas pelo homem caiu drasticamente, passando de 10 mil para apenas 170 espécies. A alimentação da população atual está baseada em cerca de 20 espécies vegetais (Kinupp, 2007; FAO, 2017). No entanto, o Brasil se destaca por ser um país com ampla biodiversidade, abrigando cerca de 3 mil espécies aptas para a alimentação (Kelen *et al.*, 2015; Galves; Correia; Santos, 2021).

Entre as espécies aptas para alimentação, estão as Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC), que são caracterizadas por possuírem uma ou mais partes com potencial para serem utilizadas na alimentação humana, como raízes, tubérculos, talos, folhas, flores, frutos e sementes. No entanto, a maioria da população desconhece essas plantas, e elas não fazem parte da cadeia de produção e comercialização tradicionais (Liberato; Lima; Silva, 2019).

As plantas PANC apresentam valores nutricionais significativos, com teores expressivos de vitaminas, fibras, compostos antioxidantes e sais minerais. Sua incorporação na alimentação pode contribuir para a diversificação dietética e trazer efeitos benéficos para a saúde, além de representar um potencial alternativa de renda para as comunidades rurais (Nascimento *et al.*, 2019; Botrel *et al.*, 2020).

O espinafre-da-Amazônia (*Alternanthera sessilis* (L.) DC, pertencente à família botânica Amaranthaceae, é uma planta promissora e altamente nutritiva. Suas folhas encarquilhadas e porte ereto ou decumbente tornam-no uma erva de até 30 cm de altura. A propagação é realizada por meio de estacas, que podem ser enraizadas ou não, e o cultivo deve ser feito à sombra para garantir o desenvolvimento de folhas maiores e mais tenras (Kinupp, Lorenzi, 2014; Cruz, 2018).

Estudos realizados por Klein *et al.* (2018) evidenciam que o espinafre-da-Amazônia é rico em vitaminas A, B9 (ácido fólico), C e K, além de conter carotenoides, flavonoides, fibras e minerais como ferro, cálcio e potássio. Outra pesquisa conduzida por Cruz (2018) demonstrou um incremento de cerca de 24% no teor proteico dessa planta sob diferentes doses de nitrogênio. Gomes (2020) também ressaltou o excelente valor nutricional do espinafre-amazônico, com destaque para a presença de nutrientes essenciais para as atividades metabólicas dos seres vivos.

A identificação da variabilidade genética é de fundamental importância no melhoramento genético de plantas, e o estudo da divergência genética é uma ferramenta valiosa para identificar genótipos com potencial. A quantificação da diversidade genética, por meio de características morfológicas e agronômicas, possibilita a utilização de medidas de dissimilaridade, como a distância euclidiana e a distância de Mahalanobis (D2).

Esta última leva em consideração as variâncias residuais e covariâncias entre as características medidas, o que é especialmente relevante quando o experimento é realizado sob delineamento experimental (Cruz; Carneiro, 2006). Genótipos divergentes, com características agronômicas complementares, são essenciais para a formação de híbridos ou novas populações segregantes. Genitores divergentes proporcionam maior variabilidade na população segregante e aumentam a probabilidade de reagrupamento de alelos em novas combinações favoráveis (Barbieri *et al.*, 2005; Arriel *et al.*, 2007).

No contexto do melhoramento genético de plantas, estudos de diversidade genética são de extrema importância para a escolha adequada dos genótipos a serem utilizados como genitores. A distância genética entre os parentais é um indicativo da expressão da heterose nas progênies (Cruz *et al.*, 1994), o que aumenta as chances de obter indivíduos superiores nas populações segregantes. Além da divergência entre os progenitores, é crucial considerar o mérito individual das características de interesse para o processo de melhoramento.

Dessa forma, este trabalho teve como objetivo quantificar a divergência genética entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia com base em testes de agrupamento para características morfoagronômicas. A busca por genótipos divergentes, visando à formação de populações com ampla variabilidade genética, tem o propósito de possibilitar a seleção de indivíduos superiores, contribuindo para o desenvolvimento de novas cultivares com características desejáveis. Os resultados desta pesquisa têm relevância para o melhoramento genético da espécie e podem representar um avanço significativo na promoção da biodiversidade agrícola e na oferta de opções alimentares mais saudáveis e sustentáveis para a sociedade.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período de março a junho de 2020, em uma casa de vegetação não climatizada, com estrutura metálica em forma de arco e coberta com 150 mm de polietileno de baixa densidade (PBDE). O local do experimento foi a horta experimental da Universidade Federal do Acre - UFAC, situada na Rodovia BR 364, Km 04, s/n - Distrito Industrial, Rio Branco - AC, nas coordenadas geográficas aproximadas de latitude 9° 57' 35" S, longitude 67° 52' 08" O e altitude de 150 m. Segundo classificação de Köppen, o clima da região é classificado como AWI (quente e úmido), com temperaturas médias variando de 21 °C a 31 °C, precipitação anual de 1.648,94 mm e umidade relativa de 83% (AGRITEMPO, 2018).

O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, composto por 16 tratamentos e quatro repetições. Os tratamentos corresponderam aos 16 genótipos de *Alternanthera sessilis* L. utilizados no estudo. Os genótipos de espinafre-da-Amazônia foram provenientes da coleção de trabalho do banco de germoplasma da Universidade Federal do Acre - UFAC e foram coletados junto a agricultores da região norte e de feiras livres no ano de 2019 (Quadro 1).

Quadro 1 - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* (L) DC. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021

Genótipos	Identificação	Local de coleta	Origem
01	AM-1	Feira Manaus Moderna	Manaus – AM
02	AM-2	Feira do Produtor	Manaus – AM
03	AM-3	Horta Rural	Manaus – AM
04	AM-4	Horta Urbana	Novo Aerão – AM
05	AM-5	Quintais urbanos	Envira - AM
06	AM-6	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
07	AM-7	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
08	AC-1	Colônia Esperança	Tarauacá – AC
09	AC-2	Horta Rural	Rio Branco – AC
10	AC-3	Horta Urbana	Mâncio Lima – AC
11	AC-4	Polo agroflorestal	Xapuri – AC
12	RR-1	Sítio primavera	Rorainópolis – RR
13	RR-2	Feira do garimpeiro	Boa Vista -RR
14	RR-3	Sítio Açaí	Bonfim -RR
15	RO-1	Feira livre	Porto Velho-RO
16	AP-1	Horta urbana	Porto Grande – AP

A amostragem do solo na camada de 0-20 cm foi realizada no mês de abril de 2020, para fins de caracterização química do solo. Foram coletadas 20 amostras na área experimental, que foram compostas para formar uma amostra representativa de aproximadamente 1.000 g. Dessa amostra, foi enviada uma subamostra de 500 g para análise, cujos resultados estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área experimental no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC

pH	MO	P-rem	V	m	P ⁽¹⁾	K ⁽¹⁾	Ca ⁽²⁾	Mg ⁽²⁾	Al ⁽²⁾	SB	Al+H ⁽³⁾	(t)	(T)
H ₂ O	dag kg ⁻¹	mg L ⁻¹	%		mg dm ⁻³					cmol _c dm ⁻³			
4,6	1,2	43	41	0	2	62	0,9	0,5	0	1,6	2,2	1,6	3,8

Análise realizada no Laboratório de Análises de Solos da UNIFENAS. ⁽¹⁾Extrator Mehlich 1; ⁽²⁾Extrator KCl 1 mol L⁻¹; ⁽³⁾Extrator Ca(OAC)₂ 0,5 mol L⁻¹, pH 7,0.

Foi realizada a aplicação a lanço de calcário dolomítico na quantidade de 1.000 kg ha⁻¹ sobre os canteiros, incorporação ao solo, para elevar a saturação por bases a aproximadamente 70%. O preparo do solo foi constituído de revolvimento dos canteiros e distribuição do adubo.

As mudas foram preparadas em substrato composto pela mistura de solo, pó de serra e esterco de aves, na proporção 3:1:1 (v/v). A propagação foi realizada por meio do método de estaquia, utilizando estacas de 10 cm de comprimento, colocadas em recipientes plásticos descartáveis de 500 ml contendo o substrato. As mudas foram acondicionadas em viveiro com telado, que retinha 50% da luz, por um período de 15 dias, seguindo a recomendação de (Cruz, 2018). Após esse período, as mudas foram transplantadas para a casa de vegetação, em canteiros com espaçamento de 20 cm x 20 cm entre plantas.

O manejo das plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais, e o controle de insetos-praga foi feito com a aplicação de extrato de nim (*Azadirachia indica* A. Juss) a 1% de concentração, conforme necessário. O suprimento de água foi garantido por meio de sistema de irrigação por microaspersão, utilizando nebulizadores com vazão de 30 l h⁻¹, pressão de 1,5 kg cm⁻² e raio de alcance de 2,4 a 2,7 m.

Aos 45 dias após o transplante das mudas, foram selecionadas as quatro plantas centrais da área útil de cada parcela para realizar as avaliações dos seguintes caracteres: diâmetro médio do colo da planta em milímetros (DM - calculado a partir da medida da circunferência com paquímetro); número de ramos (NR - contagem);

número de folhas (NF - contagem); altura das plantas em centímetros (AP - medida com régua graduada do colo da planta à extremidade da última folha); largura da planta em centímetros (LP - medida com régua graduada de uma extremidade a outra da lateral da planta); área foliar (AF - medida em cm², com auxílio do equipamento CI 202 Potable Laser -Leaf Area Mester); massa fresca da parte aérea (MFPA - gramas planta⁻¹), determinadas através da pesagem das plantas em balança de precisão; e massa seca da parte aérea (MSPA - gramas planta⁻¹) determinadas através da pesagem em balança de precisão após a secagem das plantas em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C até atingir massa constante).

Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de médias Scott-Knott ($p < 0,05$; que equivale a acurácia de 0.86, conforme Resende e Alves, 2022) com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2016). Para estimar divergência genética inicialmente utilizou-se o software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007), modelo 20 para gerar a matriz de valores genotípicos. Em seguida utilizou-se o procedimento divergência genética entre acessos (dentro de populações) variáveis quantitativas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2016).

Para avaliar a contribuição relativa das características na divergência entre os genótipos, foi utilizado o método de Singh (1981). Em seguida, foi realizada a análise multivariada com base na matriz de distância genética generalizada de Mahalanobis (D2), e o agrupamento foi realizado pelo método de otimização de Tocher, proposto por Rao (1952). Além disso, também foi empregada a análise de agrupamento UPGMA (Unweighted Paired Group Method using Arithmetic Averages), que atualiza a matriz de distâncias calculando a média das distâncias entre os indivíduos de dois grupos, evitando estimar a dissimilaridade por meio de valores extremos.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2, estão apresentados os resultados das análises de variância para as características analisadas dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia. Os testes de significância revelaram diferenças altamente significativas ($p < 0,01$) entre os genótipos em relação a todas as características avaliadas. Esses resultados mostram considerável variabilidade genética entre os genótipos, sugerindo a possibilidade de formação de grupos contrastantes.

As médias das características analisadas foram calculadas e apresentam valores compatíveis com a literatura existente para o espinafre-da-Amazônia (Gomes, 2020). Os coeficientes de variação (CV%) variaram de 2,02 a 5,73%, valores relativamente baixos, o que demonstra a consistência dos dados, uma boa precisão do experimento e a confiabilidade das medidas obtidas (Pimentel-Gomes, 2009).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância e coeficientes de variação para os caracteres diâmetro do colo (DM), número de ramos (NR), número de folhas (NF), altura (AP), Largura de planta (LP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA), massa seca da parte aérea (MSPA) de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia. Rio Branco -AC, 2021

FV	GL	Quadrados Médios							
		DM	NR	NF	AP	LP	AF	MFPA	MSPA
		mm ⁽¹⁾	un.	un.	Cm	cm	cm ²	g planta ⁻¹	g planta ⁻¹
Blocos	3	0,02	0,02	100,19	6,89	1,44	80,29	343,33	20,49
Tratam.	15	8,42**	10,64**	185,13**	110,27**	91,52**	44378,30**	17648,83**	954,20**
Erro	45	0,04	0,02	45,00	2,22	1,70	43,16	304,03	14,53
CV (%)		3,07	2,02	4,08	4,05	3,46	3,63	5,66	5,73

** Significativos a 1 % de probabilidade, pelo teste F.

¹ Unidades de medida.

O método proposto por Singh (1981) apresenta o peso relativo que uma determinada variável tem na composição da matriz da distância generalizada de Mahalanobis. Desta forma, os resultados revelaram que as características AP, AF, MFPA e MS foram as principais responsáveis por explicar a variação genética entre os genótipos, contribuindo com 93,26% da diversidade observada (Tabela 3). Essas características mostraram-se altamente informativas para distinguir os diferentes genótipos estudados, indicando que são importantes para o estudo da divergência genética.

Tabela 3 - Contribuição relativa para os caracteres: altura de planta (AP), área foliar (AF), largura de planta (LP), número de ramos (NR), número de folhas (NF), massa fresca da parte aérea (MFPA), diâmetro do colo da planta e massa seca parte aérea (MSPA) conforme Singh (1981) de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia. Rio Branco -AC, 2021

Caracter	S.j (1)	Valor (%)	S.j (2)	Valor (%)
AP	15319,74	17,12	15319,74	18,71
AF	41544,54	46,42	41544,54	50,74
LP	774,37	0,87	0,00	0,00
NR	2721,60	3,04	2721,60	3,32
NF	2755,49	3,08	2775,49	3,39
MFPA	10642,24	11,89	10642,24	13,00
DM	6949,81	7,77	0,00	0,00
MSPA	8779,81	9,81	8879,81	10,84
Total	89487,60	100,00	81883,42	100,00

Por outro lado, as variáveis largura da planta (LP) e diâmetro do colo da planta (DM) apresentaram valores de contribuição relativamente baixos em relação à diversidade genética, com S.j de apenas 0,86% e 7,76%, respectivamente. Esses resultados sugerem que LP e DM podem ser consideradas características de menor importância na avaliação da divergência geral entre os genótipos estudados. A literatura científica já apontou que características que não variam significativamente entre os indivíduos analisados ou que são altamente correlacionadas com outras podem ser consideradas redundantes e, portanto, podem ser descartadas em análises subsequentes (Cruz *et al.*, 2012).

Pode-se então afirmar que as características AP, AF, MFPA e MSPA são importantes no estudo da divergência genética entre os genótipos, por apresentarem as contribuições mais expressivas, enquanto as variáveis LP e DM têm menor relevância nesse contexto. O conhecimento dessas informações é fundamental para avançar na compreensão da variabilidade genética e no desenvolvimento de estratégias de melhoramento genético mais eficientes e direcionadas. A importância da altura de planta e área foliar foram verificadas em outros trabalhos de divergência genética em hortaliças folhosas, como alface (*Lactuca sativa* L.) (Azevedo *et al.*, 2013), Couve (*Brassica oleracea* var. *acephala*) (Azevedo *et al.*, 2016; Brito *et al.*, 2021), *jambu* (*Acmella oleracea* (L.) R.K. Jansen) (Albuquerque, 2019).

Na Tabela 4, observou-se que os genótipos 16, 7 e 3 se destacaram com melhores valores em relação à altura da planta, indicando que esses genótipos

possuem um potencial promissor para o desenvolvimento de variedades com maior porte e, possivelmente, maior produção. Além disso, os genótipos 16 e 7 demonstraram desempenho superior em relação às variáveis de massa fresca, massa seca e área foliar. Essas características são de extrema relevância para a produtividade e qualidade das plantas, uma vez que a massa fresca está diretamente relacionada à capacidade de acumular biomassa e a massa seca está associada ao acúmulo de substâncias importantes, como nutrientes e compostos bioativos. Já a área foliar é um indicativo da capacidade fotossintética da planta, o que pode impactar significativamente seu crescimento e desenvolvimento.

Tabela 4 - Médias de altura de planta, área foliar, massa fresca e massa seca de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco - AC, 2021

Tratamento	Acessos	Altura (cm)	Área (cm ²)	Massa fresca g planta ⁻¹	massa seca g planta ⁻¹
1	AM-01	29,50 e	429,48 f	266,47 f	52,04 f
2	AM-02	37,33 c	629,35 c	347,58 c	77,31 c
3	AM-03	43,23 a	700,00 b	391,55 b	87,99 b
4	AM-04	34,78 d	543,93 e	270,74 f	59,56 e
5	AM-05	39,13 b	692,10 b	385,44 b	85,40 b
6	AM-06	29,50 e	429,48 f	258,05 f	50,06 f
7	AM-07	45,09 a	750,67 a	433,73 a	93,30 a
8	AC-01	33,08 d	535,61 e	261,05 f	57,43 e
9	AC-02	36,08 c	548,84 e	270,39 f	59,48 e
10	AC-03	40,07 b	587,68 d	288,80 e	63,54 e
11	AC-04	31,26 e	577,02 d	274,69 f	60,43 e
12	RR-01	29,50 e	429,48 f	266,47 f	52,04 f
13	RR-02	35,43 c	516,16 e	235,43 g	51,79 f
14	RR-03	39,56 b	634,61 c	315,94 d	69,51 d
15	RO-01	35,85 c	533,01 e	240,71 g	52,96 f
16	AP-01	45,09 a	742,32 a	424,38 a	91,02 a
CV (%)	-	4,05	3,63	5,66	5,73

Média seguidas de mesma letra não diferem ($p>0,05$) entre si pelo teste Scott-Knott

As características destacadas nos genótipos 16 e 7 são de fundamental importância para a tomada de decisão no que tange ao melhoramento genético do espinafre-amazônico. Ao selecionar e trabalhar com esses genótipos, os programas de melhoramento têm a oportunidade de desenvolver variedades mais produtivas e

adaptadas às demandas do mercado e das condições ambientais locais (Shi *et al.*, 2017).

A compreensão dessas relações genéticas e a identificação dos genótipos mais promissores permitem direcionar esforços para maximizar o potencial agronômico do espinafre-amazônico e contribuir para a segurança alimentar e a sustentabilidade agrícola. Neste sentido as avaliações de características morfoagronômicas são fundamentais para a determinação da diversidade genética e seleção de critérios no melhoramento do espinafre (Shi *et al.*, 2017).

A análise de dissimilaridade genética, utilizando a distância de Mahalanobis (D²), foi realizada entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia com base em caracteres morfoagronômicos (Tabela 5). Os valores de dissimilaridade variaram amplamente, abrangendo uma magnitude que vai de 0,43 a 2632,03. Essa extensa variação indica a presença de considerável diversidade genética entre os genótipos estudados (Cruz *et al.*, 2012; Zeist *et al.*, 2022).

Tabela 5 - Estimativa de dissimilaridade de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia por meio dos caracteres morfoagronômicos utilizando a distância de Mahalanobis (D²)

Genótipos	Maior	Genótipos	Menor	Genótipos
1	2632,03	(16)	0,43	(12)
2	1317,77	(16)	49,13	(5)
3	937,88	(1)	117,66	(14)
4	1963,00	(16)	44,81	(13)
5	1501,66	(16)	49,13	(2)
6	2610,99	(16)	0,93	(1)
7	2472,70	(1)	22,69	(16)
8	2437,11	(16)	17,13	(13)
9	2360,05	(16)	8,76	(13)
10	1483,00	(16)	37,19	(15)
11	1430,56	(16)	52,43	(10)
12	2632,03	(16)	0,61	(1)
13	2388,02	(16)	8,76	(9)
14	854,42	(16)	98,22	(2)
15	1605,93	(16)	37,19	(10)
16	2632,03	(1)	22,69	(7)
Menor			0,43	(1 e 12)
Maior			2632,03	(1 e 16)

Observa-se que a combinação dos genótipos 1 e 16 apresentou a maior dissimilaridade ($D2 = 2632,03$), enquanto a menor dissimilaridade foi verificada entre os genótipos 1 e 12 ($D2 = 0,43$) (Tabela 5). Essas diferenças genéticas são importantes para a seleção de genitores em futuros cruzamentos visando à obtenção de progênes com alto potencial de heterose (Rotili *et al.*, 2012; Santos *et al.*, 2014).

A distância genética entre os indivíduos é um fator crucial na escolha dos genitores para programas de melhoramento genético. Genótipos mais distantes apresentam maior potencial para a obtenção de híbridos com expressivo vigor híbrido, o que pode resultar em maiores produtividades e qualidade nas plantas descendentes (Paterniani *et al.*, 2008).

Destaca-se que o genótipo 16 (AP-1) esteve presente na maioria das combinações com maiores distâncias, sugerindo ser o mais divergente e, portanto, um candidato promissor para cruzamentos futuros (Almeida *et al.*, 2011). A identificação de genótipos com características desejáveis e alta dissimilaridade é essencial para a obtenção de progênes que acumulem os benefícios de ambas as características (Silva *et al.*, 2015).

A análise de agrupamento dos 16 genótipos de espinafre-amazônico utilizando o método de otimização de Tocher resultou na formação de cinco grupos distintos (Tabela 6). Os grupos II e IV apresentaram um maior número de representantes, compreendendo, juntos, 62,5% dos genótipos estudados. É interessante observar que a composição dos grupos inclui genótipos provenientes de diferentes Estados, indicando a diversidade geográfica da amostra analisada.

Tabela 6 - Agrupamento de 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia (*Alternanthera sessilis* L.) pelo método de Tocher, por meio de caracteres morfoagronômicos, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis

Grupos	Genótipos						%
I	AM-1	RR-1	AM-6				18,75
II	AC-2	RR-2	AC-1	AM-4	AC-3	RO-1	37,50
III	AM-7	AP-1					12,50
IV	AM-2	AM-5	AC-4	RR-3			25,00
V	AM-3						6,25
Total	16						100,00

Dentre os grupos formados, destaca-se o grupo III, composto pelos genótipos AM-7 e AP-1, que pode ser considerado promissor devido às altas médias de características desejáveis da cultura, como massa seca (Tabela 6 e Figura 1). Essa combinação de genótipos com características vantajosas pode ser valiosa para futuros cruzamentos, visando à obtenção de progênie com potencial para maior produtividade e qualidade.

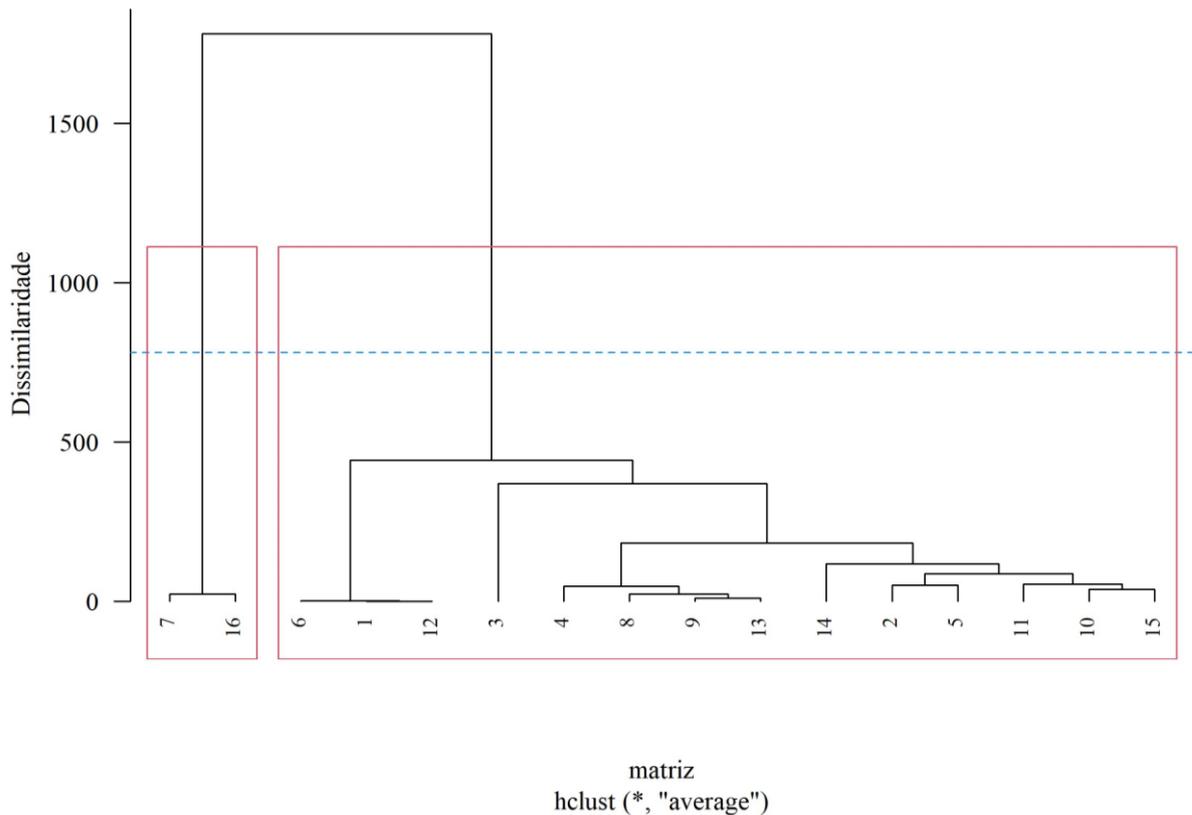
O método de otimização de Tocher é amplamente utilizado para a formação de grupos com base na distância genética entre os indivíduos. A estratégia busca otimizar a partição dos genótipos, buscando grupos onde as distâncias internas sejam menores do que as distâncias entre os grupos (Cruz *et al.*, 2021). Dessa forma, é possível identificar e agrupar genótipos com maior similaridade, facilitando a seleção de parentais em programas de melhoramento genético.

O sucesso do desenvolvimento de genótipos promissores depende da disponibilidade de variabilidade genética nos bancos de germoplasma (Lebeda *et al.*, 2014). A utilização do método de Tocher no agrupamento dos genótipos permite alcançar uma partição que maximize alguma medida predefinida, facilitando a identificação de grupos distintos e representativos (Cruz *et al.*, 2012).

Estudos que avaliam a distância genética em populações de plantas têm sido de grande importância para a gestão de bancos de germoplasma e para a seleção de genitores no melhoramento genético (Rêgo *et al.*, 2012). A análise da diversidade genética entre os genótipos contribui para a identificação de materiais promissores e o direcionamento de estratégias de melhoramento visando o desenvolvimento de variedades mais adaptadas e produtivas.

Utilizando o método de agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 2), foi possível identificar a formação de dois grupos distintos, cada um compreendendo genótipos com características morfoagronômicas semelhantes. O grupo I foi constituído pelos genótipos 7 (AM-7) e 16 (AP-1), apresentando uma relação próxima entre si. O grupo II reuniu todos os demais genótipos.

Figura 1 - Dendrograma da análise de agrupamento UPGMA baseado na distância generalizada de Mahalanobis entre 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco - AC, 2020



Comparando os resultados obtidos pelos métodos de Tocher (Tabela 6) e UPGMA (Figura 2), apesar do ponto de corte para o dendrograma apontar para a formação de apenas dois grupos, é possível constatar uma notável concordância na composição dos grupos formados pelo método de Tocher caso reduzisse o ponto de corte. Ambos os métodos de agrupamento apontam para a presença de genótipos com características semelhantes agrupados em conjuntos distintos, sugerindo uma coerência nos padrões de similaridade genética identificados.

O método UPGMA, baseado na construção de uma árvore filogenética, é amplamente utilizado para análises de agrupamento genético, permitindo visualizar as relações de similaridade entre os genótipos avaliados (Cruz *et al.*, 2012). A identificação dos grupos distintos pode fornecer informações valiosas para a seleção de genitores em programas de melhoramento, uma vez que genótipos agrupados em um mesmo cluster geralmente compartilham características importantes e podem ser

utilizados para cruzamentos visando a obtenção de progênes com características desejáveis.

A análise de agrupamento é uma ferramenta fundamental para a conservação e o melhoramento de espécies vegetais, pois permite a identificação de materiais genéticos promissores e a seleção de combinações genéticas mais favoráveis para o desenvolvimento de novas variedades. A partir do conhecimento das relações de similaridade genética entre os genótipos, os programas de melhoramento podem ser mais eficientes e direcionados, visando o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas, produtivas e de alta qualidade.

3.4 CONCLUSÕES

Os resultados deste estudo evidenciam a existência de diversidade genética entre os genótipos de espinafre-da-Amazônia avaliados.

Os grupos formados pelos diferentes métodos de agrupamento representam combinações promissoras para a obtenção de novas cultivares com características desejáveis para a cultura.

Os genótipos 7 (AM-7) e 16 (AP-1) destacam-se com valores superiores nas principais características avaliadas, como altura de planta, massa fresca da parte aérea e área foliar, evidenciando sua divergência genética e tornando-os candidatos promissores para a formação de genótipos superiores.

REFERENCIAS

- AGRITEMPO. 2018. Sistema de monitoramento agrometeorológico. **Dados meteorológicos:** Acre. Disponível <<http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumário?uf=AC>>. Acesso 15 maio 2019.
- ALBUQUERQUE, LEITE, F. **Dissimilaridade genética e seleção de descritores da parte aérea de jambu [*Acmella oleracea* (L.) R.K. Jansen]**. 2019. 60 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Ciências Biológicas) - Universidade Federal Rural da Amazônia. Belém, 2019. Disponível em: <https://bdta.ufra.edu.br/jspui/handle/123456789/1578>. Acesso em: 05 fev. 2023.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n.1, p. 108-115, jan./mar. 2011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/ysY4DjrTH7Wsj9hXRdMFPXk/>. Acesso em: 10 fev. 2023.
- ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; ARRIEL, E. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic traits. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 7, n.3, p. 253-261, jan. 2007. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/69868/2-s2.0-41149167133.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2023.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; OLIVEIRA, C. M.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; DORNAS, M. F. S.; CASTRO, B. M. C. Seleção de genótipos de alface para cultivo protegido: divergência genética e importância de caracteres. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 2, p. 260-265, abr./jun. 2013. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/Ss3BBgWH6xRsfPXtS68D6Xy/?lang=pt>. Acesso em: 14 set. 2023.
- AZEVEDO A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, J. R. S. Estudo da repetibilidade genética em clones de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 1, p. 054-058, jan./ mar. 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/fSQzBqdvM7DRvDw5hFHKFSP/>. Acesso em: 11 jun. 2023.
- BARBIERI, R.L.; LEITE, D.L.; EVA CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v.35, n.2, p.303-308, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782005000200009>. Acesso em: 25 jun. 2023.
- BOTREL, N.; FREITAS, S.; FONSECA, M. J. O.; MELO, R. A. C.; MADEIRA, N. Valor nutricional de hortaliças folhosas não convencionais cultivadas no Bioma Cerrado. **Brazilian Journal of Food Technology**, Campinas, v. 23, p. 1-8, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/bjft/a/JjvCDWhsFpnXnytvPwGXCy/>. Acesso em: 07 abr. 2023.

BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; AZEVEDO, A. M.; DONATO, L. M. S.; SILVA, A. J. M.; OLIVEIRA, A. J. M. Genetic divergence between half-sibling progenies of kale using different multivariate approaches. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 39, p. 178-185. 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/K8MggfJnCMJ75yQVKNWdLCv/>. Acesso em: 10 abr. 2023.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, out./dez. 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/sLvDYF5MYv9kWR5MKgxb6sL/?lang=en>. Acesso em: 10 abr. 2023.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. ; BHERING, L. L. Biometry in plant breeding .**Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, p. 1-11, jul. 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/9vf7YzzQynVdD77NrJHzvSs/>. Acesso em: 10 abr. 2023.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 Ed. Viçosa: UFV, 2012.

CRUZ, K. S. **Análise físico-química de espinafre-amazônico (*Alternanthera sessilis* L.) sob diferentes doses de nitrogênio**. 2018. 36 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Monografia de graduação em agronomia). Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2018. Disponível em: <http://www2.ufac.br/ppga/menu/dissertacoes/dissertacoes-2/2020/romario-rodrigues.pdf>. Acesso em: 17 jun. 2023.

CRUZ C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Biometric models applied to breeding**. 3 Ed. Viçosa: UFV. 2006

FAO - Food and Agriculture Organization. **Voluntary guidelines for the conservation and sustainable use of crop wild relatives and wild food plants**. Roma: FAO. 2017. Disponível em: <https://www.fao.org/documents/card/en/c/8f366de9-08a8-42ad-aae1-4f8f6822420e>. Acesso em: 10 jun. 2023.

KELEN, M. E. B.; NOUHUYS, I. S. V.; KEHI, L. C. K.; BLACK, P.; SILVA, D. B. **Plantas alimentícias não convencionais (PANCs): hortaliças espontâneas e nativas**. Porto Alegre: UFRGS. 2015.

KLEIN, F. R. S.; REIS, A; KLEINOWSKI, A. M; EINHARDT, A. M; DEUNER, S.; AMARANTE, L; PETERS, J. A; BRAGA, E. J. B. Biochemical activity of plants of the genus *Alternanthera* after UV-C radiation exposure. **Revista Brasileira Biociências**, Porto Alegre, v.16, n.2, p. 37-46, abr./jun. 2018. Disponível em: <https://seer.ufrgs.br/index.php/rbrasbioci/article/view/114594>. Acesso em: 05 abr. 2023.

KINUPP, V. F. **Plantas alimentícias não convencionais da região metropolitana de Porto Alegre, RS**. 2007. Tese (Doutorado do Programa de Pós-Graduação em

Fitotecnia) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2007. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/handle/10183/12870>. Acesso em: 14 set. 2023.

KINUPP, V. F.; LORENZI, H. **Plantas alimentícias não convencionais (PANC) no Brasil**: guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora. 2014.

GALVES, J. M.; CORREIA, D. A.; SANTOS, K. B. Bioprospecção na Amazônia: um mapeamento sistemático dos recursos biológicos e genéticos. In: **Sustentabilidade informacional em ecossistemas de conhecimentos**. Manaus: EDUA. Disponível <<http://riu.ufam.edu.br/handle/prefix/5856>>. Acesso 10 mar. 2022.

GOMES, R. R. **Caracterização agrônômica e nutricional de espinafre-amazônico (*Alternanthera sessilis* L.) sob níveis de sombreamento**. 2020. 55 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Acre. Rio Branco, AC, 2020.

LEBEDA, A.; KRISTOVÁ, E.; MIESLEROVÁ, B.; JEMELKOVÁ, M.; PINK, D. A. C. Wild *Lactuca* species, their genetic diversity, resistance to diseases and pests, and exploitation in lettuce breeding. **European Journal of Plant Pathology**, v. 138, n. 3, p. 597-640, 2014. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-013-0254-z>. Acesso em: 15 abr. 2023.

LIBERATO, P. S.; LIMA, D. V. T.; SILVA, G. M. B. PANC - Plantas alimentícias não convencionais e seus benefícios nutricionais. **Environmental smoke**, João Pessoa, v. 2, n.2, p. 102-111. 2019. Disponível em: <https://www.conhecer.org.br/enciclop/2020C/pancs.pdf>. Acesso em: 17 jun. 2023.

NASCIMENTO, S. G. S.; ALMANSA, K. S.; HANKE, D; ÁVILA, M. R, MAIA, J. F.; SILVA, F. N. Plantas Alimentícias Não Convencionais: um estudo sobre a possibilidade de inserção na merenda escolar. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 42, n. 4, p. 1086-1095. 2019. Disponível em: <https://revistas.rcaap.pt/rca/article/view/18670>. Acesso em: 17 jun. 2023.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, O. S.; LÜDERS, R. R.; GALLO, P. B.; SOUZA, A. P.; LABORDA, P. R.; OLIVEIRA, K. M.; Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p. 639-648. 2008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/3jw7wCr7sPGvVt7mhzt4Ykw/>. Acesso em: 07 set. 2023.

Pimentel-Gomes, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEAL, 2009. 451 p.

RAO, CR. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Willey. 1952.

RÊGO, E. R.; SANTOS, R. M. C.; RÊGO, M. M.; NASCIMENTO, N. F. F.; NASCIMENTO, M. F. A. N. D.; BAIRRAL, M. A. Quantitative and multicategorical descriptors for phenotypic variability in a segregating generation of ornamental

Peppers. **Acta Horticulturae**, Brasília, v. 937, p. 289-937. 2012. Disponível em: https://www.actahort.org/books/937/937_35.htm. Acesso em: 14 set. 2023.

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

Resende e Alves, 2022

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; CARVALHO, E. V. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n.3, p. 516-521. 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/zzn4DfJQ7rV6BTcQ57SkHcB/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 03 fev. 2023.

SANTOS, W. F.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; SODRÉ, L. F.; SANTOS, D. S.; FARIAS, T. C. M. Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em genótipos de milho para teor de óleo. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 57, n. 3, p. 312-317. 2014. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/download/1358/509/>. Acesso em: 20 fev. 2023.

SHI, A.; QIN, J.; MOU, B.; CORRELL, J.; WENG, Y.; BRENNER, D.; FENG, C.; MOTES, D.; YANG, W.; DONG, L.; BHATTARAI, G.; RAVELOMBOLA, W. Genetic diversity and population structure analysis of spinach by single-nucleotide polymorphisms identified through genotyping-by-sequencing. **PloS one**, v. 12, n. 11, p. 1-25, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0188745>. Acesso em: 05 jun. 2023.

SILVA, K. C. L.; SILVA, K. P.; CARVALHO, E. V.; ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M. Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. **Revista Agro@ mbiente On-line**, v. 9, n. 2, p. 102-110, 2015. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/de42/08b0702f5cba534a828fe49bc644da62a3e4.pdf>. Acesso em: 09 jun. 2023.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and a Plant Breeding**, v. 41, n. 2 p. 237-245, 1981.

ZEIST, A. R.; RESENDE, J. T. V.; OLIVEIRA, G. J. A.; LIMA FILHO, R. B.; HENSCHER, J. M.; FIGUEIREDO, A. S. T.; SILVA JÚNIOR, A. D.; FARIA, M. V. Genetic divergence among wild and hybrid tomato accessions based on morphoagronomic and physiological traits. **Horticultura Brasileira**, v 40, n. 3, p. 326-333, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/v5yKY5ZkFy9STBL7j8Ckvkm/>. Acesso em: 10 jul. 2023.

4 ARTIGO II

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE
VALORES GENOTÍPICOS DE ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA
Alternanthera sessilis (L.) VIA REML/BLUP**

RESUMO

Este estudo teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos de espinafre-da-Amazônia utilizando a metodologia REML/BLUP. O experimento foi conduzido em Rio Branco - Acre, no período de março a junho de 2020, adotando o delineamento de blocos completos ao acaso, com 16 tratamentos e 4 repetições. Foram avaliados diversos caracteres aos 45 dias após o transplante das mudas, incluindo diâmetro do colo, número de ramos por planta, altura da planta, largura da planta, número de folhas, área foliar, massa fresca da parte aérea e massa seca da parte aérea. As estimativas dos componentes de variâncias e os valores genéticos foram obtidos por meio do software Selegen-REML/BLUP, utilizando o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas). A análise de deviance revelou variabilidade genética significativa ($p < 0,01$, que está associada a uma acurácia de 0.92) entre os genótipos de espinafre-da-Amazônia para todas as características avaliadas. Os resultados obtidos indicam uma situação favorável para a seleção e boas perspectivas para um programa de melhoramento genético. O procedimento REML/BLUP demonstrou alta eficiência na classificação e ordenamento dos genótipos. Com base nesses resultados, o clone 6 foi identificado como o mais promissor para seleção, representando uma escolha indicada para futuros programas de melhoramento genético do espinafre-da-Amazônia. Essas descobertas fornecem uma base sólida para o desenvolvimento de variedades superiores desta cultura na região de Rio Branco, Acre, contribuindo para o aumento da produtividade e qualidade.

Palavras-chave: : modelo misto; variabilidade genética; classificação genotípica.

ABSTRACT

This study aimed to estimate genetic parameters and predict genotypic values of Amazonian Spinach using the REML/BLUP methodology. The experiment was conducted in Rio Branco - Acre, from March to June 2020, employing a randomized complete block design with 16 treatments and 4 replications. Various traits were assessed 45 days after transplanting the seedlings, including stem diameter, number of branches per plant, plant height, plant width, number of leaves, leaf area, fresh aboveground biomass, and dry aboveground biomass. Estimates of variance components and genetic values were obtained through the Selegen-REML/BLUP software, using model 20 (randomized blocks, unrelated clone test, one plant per plot or plot mean). Deviance analysis revealed significant genetic variability ($p < 0.01$) among the Amazonian Spinach genotypes for all evaluated traits. The results indicate a favorable situation for selection and promising prospects for a genetic improvement program. The REML/BLUP procedure demonstrated high efficiency in classifying and ranking genotypes. Based on these results, clone 6 was identified as the most promising for selection, representing a recommended choice for future genetic improvement programs of Amazonian Spinach. These findings provide a solid foundation for the development of superior varieties of this crop in the Rio Branco, Acre region, contributing to increased productivity and quality.

Keywords: mixed model; genetic variability; genotypic classification.

4.1 INTRODUÇÃO

O espinafre-da-Amazônia, *Alternanthera sessilis* (L.) DC, é uma planta pertencente à família botânica Amaranthaceae. Popularmente conhecida no Brasil como orelha de macaco, panelada e espinafre-amazônico, no mundo, é também chamada de espinafre *Sissoo*, *Brazilian spinach* (espinafre brasileiro) e *Alternanthera sissoo* (Kinupp; Lorenzi, 2014; Cordeiro, 2020).

Esta espécie é uma hortaliça de crescimento rápido, herbácea, perene, que atinge cerca de 30 cm de altura, com caules eretos ou decumbentes, flores de coloração verde e branca, e folhas de coloração verde escuro e aspecto encarquilhado. Sua propagação é realizada estacas, uma vez que não produz sementes férteis (Toensmeier, 2007; Hikma *et al.*, 2021; Alam *et al.*, 2022).

O espinafre-da-Amazônia é amplamente encontrado na região amazônica brasileira e se destaca por seu alto valor nutricional, com teores de proteína que podem atingir até 24% (Ferreira *et al.*, 2021). Além disso, é rico em antioxidantes e flavonoides, que podem atender às necessidades nutricionais diárias do organismo (Sommai *et al.*, 2021). Estudos demonstram que os extratos dessa planta possuem fitoquímicos diversos, com potencial aplicação como fonte de antimicrobianos naturais (Anuar, 2022).

Embora tenha sido objeto de estudos em diversas áreas, como nutrição alimentar (He *et al.*, 2022), fitoquímica (Milech, 2016), produção de mudas (Silva *et al.*, 2022) e adubação (Ferreira *et al.*, 2021), até o momento, não foram encontrados estudos relacionados ao melhoramento genético dessa espécie.

Nesse contexto, é relevante destacar a importância de investigações que abordem a estrutura genética das populações, a variabilidade genética e a predição de ganhos de seleção, visando o desenvolvimento de programas de melhoramento genético.

O melhoramento genético de plantas está diretamente ligado à seleção dos melhores indivíduos, que transmitam seus genes de interesse à próxima geração, com o propósito de obter novas plantas que expressem de forma aprimorada as características desejáveis (Resende, 2000). Os parâmetros genéticos desempenham um papel crucial nos programas de melhoramento, fornecendo informações valiosas para direcionar estratégias de seleção (Gaya; Mourão; Ferraz, 2006).

A estimação desses parâmetros é baseada nos componentes de variância das populações. Borges *et al.* (2010) ressaltam a importância de se inferir sobre os genótipos com base nas médias genéticas, em vez das fenotípicas, uma vez que as médias genéticas representam melhor as médias futuras em condições de cultivo comercial.

Conforme Resende (2007), o procedimento mais preciso para a predição de valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada), que utiliza componentes de variância estimados por meio da REML (Máxima Verossimilhança Restrita). Portanto, a abordagem ideal para avaliação genotípica é o uso da metodologia REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viciada).

A metodologia de modelos misto REML/BLUP tem demonstrado ganhos genéticos significativos e tem sido aplicada com sucesso no melhoramento de várias hortaliças, incluindo cenoura (Carvalho; Silva; Resende, 2017), batata (Silva *et al.*, 2018), couve-de-folhas (Azevedo *et al.*, 2016; Brito *et al.*, 2021), Alface (Candido *et al.*, 2016), ora-pro-nóbis (Santos, *et al.*, 2019) e berinjela (Valadares, *et al.*, 2022).

Apesar da crescente atenção dada ao espinafre-da-Amazônia em diversas áreas, observa-se uma lacuna na literatura recente quanto à obtenção de cultivares e/ou variedades dessa espécie, bem como a oportunidade de desenvolver programas de melhoramento genético direcionados à obtenção de genótipos com características de qualidade e produtividade superiores.

Portanto, o objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos de genótipos de espinafre-da-Amazônia por meio da metodologia REML/BLUP, contribuindo assim para o desenvolvimento de cultivares mais promissoras e adaptadas às condições específicas de cultivo desta espécie.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período de março a junho de 2020, em uma casa de vegetação não climatizada com estrutura metálica em forma de arco, coberta com 150 mm de polietileno de baixa densidade (PBDE). A casa de vegetação estava localizada na horta experimental da Universidade Federal do Acre - UFAC, Rodovia BR 364, Km 04, s/n - Distrito Industrial, Rio Branco - AC, nas seguintes coordenadas geográficas: latitude 9° 57' 35" S, longitude 67° 52' 08" O e altitude de 150 m. De acordo com a classificação de Köppen, a região possui clima do tipo AWI (quente e úmido), com temperaturas médias variando de 21 °C a 31 °C, precipitação anual de 1.648,94 mm e umidade relativa de 83% (AGRITEMPO, 2018).

Os genótipos de espinafre-amazônico foram obtidos de trabalhos de banco de germoplasma da Universidade Federal do Acre –UFAC. Esses genótipos foram coletados junto a agricultores da região norte e de feiras livres no ano de 2019, conforme descrito na Quadro 2.

Quadro 2 - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* L. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021

Genótipos	Identificação	Local de coleta	Origem
01	AM-1	Feira Manaus Moderna	Manaus – AM
02	AM-2	Feira do Produtor	Manaus – AM
03	AM-3	Horta Rural	Manaus – AM
04	AM-4	Horta Urbana	Novo Aarão – AM
05	AM-5	Quintais urbanos	Envira - AM
06	AM-6	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
07	AM-7	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
08	AC-1	Colônia Esperança	Tarauacá – AC
09	AC-2	Horta Rural	Rio Branco – AC
10	AC-3	Horta Urbana	Mâncio Lima – AC
11	AC-4	Polo agroflorestal	Xapuri – AC
12	RR-1	Sítio primavera	Rorainópolis – RR
13	RR-2	Feira do garimpeiro	Boa Vista -RR
14	RR-3	Sítio Açai	Bonfim -RR
15	RO-1	Feira livre	Porto Velho-RO
16	AP-1	Horta urbana	Porto Grande – AP

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos ao acaso (DBC), com 16 tratamentos e quatro repetições. Cada tratamentos correspondia a um dos 16 genótipos de *Alternanthera Sessilis* (L.). As parcelas experimentais foram constituídas por 16 plantas, sendo avaliadas as quatro plantas centrais de cada parcela.

Em abril de 2020, realizou-se uma amostragem do solo na camada 0-20 cm para fins de caracterização química do solo. Foram coletadas 20 amostras da camada 0-20 para compor uma amostra composta de aproximadamente 1.000 g. Após a secagem, uma amostra de 500 g foi enviada para análise, cujo resultados estão apresentados na Tabela 7.

Tabela 7 - Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área experimental no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC

pH	MO	P-rem	V	m	P ⁽¹⁾	K ⁽¹⁾	Ca ⁽²⁾	Mg ⁽²⁾	Al ⁽²⁾	SB	Al+H ⁽³⁾	(t)	(T)
H ₂ O	dag kg ⁻¹	mg L ⁻¹	%		mg dm ⁻³					cmol _c dm ⁻³			
4,6	1,2	43	41	0	2	62	0,9	0,5	0	1,6	2,2	1,6	3,8

Análise realizada no Laboratório de Análises de Solos da UNIFENAS. ⁽¹⁾Extrator Mehlich 1; ⁽²⁾Extrator KCl 1 mol L⁻¹; ⁽³⁾Extrator Ca(OAC)₂ 0,5 mol L⁻¹, pH 7,0.

Foi efetuada a aplicação a lanço de calcário dolomítico na quantidade de 1.000 kg ha⁻¹ sobre os canteiros, com incorporação ao solo, visando elevar a saturação por bases a aproximadamente 70%. O preparo do solo envolveu aração, levantamento de canteiros, distribuição do adubo e incorporação.

As mudas foram preparadas em substrato composto por uma mistura de solo, pó de serra e esterco de aves na proporção 3:1:1 (v/v). As plantas foram propagadas por estaquia, utilizando estacas de 10 cm de comprimento, inseridas em recipientes plásticos descartáveis de 500 ml contendo substrato. As mudas foram mantidas em viveiro com tela que permitia 50% de retenção de luz por 15 dias, conforme a recomendação de Cruz (2018). Após esse período, as mudas foram transplantadas para a casa de vegetação, com espaçamento 20 cm x 20 cm entre as plantas.

O manejo das plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais, enquanto o controle de insetos-praga foi feito com a aplicação de extrato de nim (*Azadirachia indica* A. Juss) a uma concentração de 1%, conforme a necessidade da cultura. O suprimento de água foi assegurado por meio de um sistema de irrigação

por microaspersão, utilizando nebulizadores com vazão de 30 l h⁻¹, pressão de 1,5 kg cm⁻² e raio de alcance de 2,4 a 2,7 m.

Aos 45 dias após o transplântio das mudas foram selecionadas as quatro plantas centrais da área útil de cada parcela para a avaliação dos seguintes caracteres: diâmetro médio do colo da planta em cm (DM – calculando-se a circunferência a partir da medida com paquímetro); número de ramos (NR – avaliado através de contagem); número de folhas (NF – avaliado através de contagem); altura das plantas em cm (AP – medida com régua graduada do colo da planta à extremidade da última folha); largura de planta em cm (LP – medida com régua graduada de uma a outra extremidade da lateral da planta); área foliar (AF – medida em cm², medida com auxílio do equipamento CI 202 Potable Laser -Leaf Area Mester); massa fresca da parte aérea (MFPA – gramas planta⁻¹, determinadas por pesagem das plantas em balança de precisão); massa seca da parte aérea (MS – g planta⁻¹, determinadas após secagem das plantas em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C até atingir massa constante).

As estimativas dos componentes de variâncias e os valores genéticos foram obtidos por meio do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007), utilizando o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas) representado matricialmente por: $y = Xr + Zg + e$. Neste modelo, y representa o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos desconhecidos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros (aleatórios). As matrizes X e Z representam as incidências desses efeitos (Resende, 2002).

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual):

- Vg: Variância genotípica.
- Ve: Variância residual (ambiental).
- Vf: Variância fenotípica individual.
- h²g: Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos.
- h²mc: Herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.
- Acclon: Acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.
- CVgi%: Coeficiente de variação genotípica.

- CVe%: Coeficiente de variação residual.
- CVr = CVg/CVe = Coeficiente de variação relativa.
- PEV: Variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcela.
- SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcela.
- Média geral do experimento

Para avaliar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, foi realizada uma análise de deviance (ANADEV) utilizando o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR). A significância foi avaliada por meio do teste qui-quadrado com um grau de liberdade. As deviances foram obtidas comparando o modelo com e sem os valores de herdabilidade para cada variável, e o teste qui-quadrado foi realizado com um nível de significância de 1% (que está associado a uma acurácia de 0.92).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi verificada variabilidade genética significativa ($p < 0,01$, que esta associada a uma acurácia de 0.92) entre os genótipos de espinafre-da-Amazônia em relação às características: diâmetro do caule, números de ramos, altura de planta, largura de planta, número de folhas, área foliar, massa fresca e massa seca (Tabela 8). Essa variação genética é desejável, pois indica a presença de genótipos superiores para essas características, possibilitando a seleção e o desenvolvimento de materiais genéticos apropriados.

O conhecimento da variação genética é fundamental para programas de melhoramento, pois permite direcionar a seleção visando ao progresso genético (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004; Rocha *et al.*, 2009; Otsubo *et al.* 2015).

Tabela 8 - Análise de deviance para oito características agronômicas em genótipos de Espinafre-amazônico, Rio Branco, AC, 2020

Variável	Efeito	Deviance	LRT
Diâmetro de caule	Clones	113,27	86,69**
	Modelo completo	26,573	
Número de Ramos	Clones	1.300.572	49,48**
	Modelo completo	80,5695	
Altura de planta	Clones	2.735.608	96,69**
	Modelo completo	1.768.688	
Largura de Planta	Clones	2.621.676	99,36**
	Modelo completo	162,8027	
Número de Folhas	Clones	4.436.397	88,37**
	Modelo completo	355,2679	
Área foliar	Clones	6.317.142	125,88**
	Modelo completo	505,8273	
Massa fresca	Clones	5.776.416	102,60**
	Modelo completo	475,0392	
Massa Seca	Clones	4.022.330	108,03**
	Modelo completo	294,2021	

ns, * e **: não significativo, significativo a 5% e 1%, pela análise de *deviance* com base no teste LRT, respectivamente.

De acordo com a classificação de Resende *et al.* (1996), a herdabilidade é considerada baixa quando varia de 0,01 a 0,15, moderada de 0,15 a 0,50 e alta quando superiores a 0,50. A herdabilidade desempenha um papel crucial na seleção genética, uma vez que quantifica o grau de correspondência entre valor fenotípicos e

genotípicos (Vencovsky; Barriga, 1992; Costa *et al.*, 2008). Na tabela 9, é possível observar que as variáveis DM, NR, AP, LP, NF, AF, NFPA e MSPA apresentaram valores de herdabilidade (h^2g) com alta magnitude. Isso é muito desejado, pois indica a possibilidade de ganhos substanciais com a seleção. Além disso, a magnitude da herdabilidade influencia a estratégia de seleção mais eficiente (Resende, 2002; Sato *et al.*, 2007; Bernardo, 2010; Costa *et al.*, 2010).

Rufino *et al.* (2012), ao avaliar características comerciais em *Lippia alba* (erva-cideira), encontraram herdabilidade superior a 95% para massa fresca e comprimento de brotos. Azevedo *et al.* (2016), em avaliações de couve, observaram que o número total de folhas apresentou herdabilidade moderada de 47,93%. Em cenoura (*Daucus carota* L.), todas as quatro características estudadas para folha e raiz apresentaram alto controle genético, com herdabilidades elevadas (Vieira *et al.*, 2009), o que as torna adequadas para o processo de melhoramento.

Tabela 9 - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, Diâmetro do colo (DM), números de ramos (NR), altura de planta (AP), largura de planta (LP), número de folhas (NF), área foliar (AF), massa fresca da parte área (MFPA) e massa seca da parte área (MSPA) em genótipos de Espinafre-amazônico, Rio Branco, AC, 2020

Componentes	DM	NR	AP	LP	NF	AF	MFPA	MSPA
Vg	1,96	2,65	27,02	22,45	452,27	10983,67	4336,15	234,93
Ve	0,05	0,01	2,18	1,70	45,00	443,18	304,04	14,45
Vf	2,01	2,67	29,20	24,15	497,27	11426,86	4640,20	49,39
H ² g	0,97	0,99	0,92	0,92	0,90	0,96	0,93	0,94
H ² mc	0,99	0,99	0,98	0,98	0,97	0,99	0,98	0,98
Acclon	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99
CVgi%	22,24	26,27	14,23	12,56	12,92	18,07	21,36	23,05
CVe%	3,80	2,01	4,04	3,46	4,07	3,62	5,65	5,71
CVr	5,85	13,03	3,51	3,63	3,17	4,97	3,77	4,03
PEV	0,01	0,00	0,53	0,41	10,97	109,68	74,70	3,55
SEP	0,11	0,06	0,73	0,64	3,31	10,47	8,64	1,88
Média Geral	6,29	6,20	36,52	37,70	164,59	57,98	308,21	66,49

Vg: Variância genotípica; Ve: Variância residual (Ambiental); Vf: Variância fenotípica individual; h^2g : Herdabilidade individual; h^2mc : Herdabilidade média; Acclon: Acurácia da seleção de clone; CVgi%: Coeficiente de variância genotípica; CVe%: Coeficiente variação residual; CVr: Coeficiente de variação relativa; PEV: Variância do erro de predição dos valores genotípicos; SEP: Desvio padrão do valor genotípico predito.

A acurácia (Acclom) representa a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material analisado e o valor genético predito (Resende, 2002; MAIA *et al.*, 2014). Valores de acurácia entre 0 e 25% são considerados baixos, entre 25 e 75% são bons (intermediários) e acima de 75% são ótimos (Resende, 2000). Na Tabela 9, observa-se que todas as variáveis apresentaram valores de acurácia (Acclom) com magnitude alta, todos acima de 0,90. Isso indica alta precisão na seleção e a possibilidade de obter ganhos genéticos substanciais. Santos *et al.* (2019), ao avaliar a espécie ora-pro-nóbis, encontraram valores de acurácia seletiva de aproximadamente 0,97.

De acordo com Nogueira *et al.* (2019), a acurácia não está diretamente relacionada ao mérito genético dos indivíduos, que deve ser avaliado por meio do valor genético, mas sim à confiabilidade da seleção. A alta precisão seletiva é desejável em programas de melhoramento, pois reflete a qualidade do experimento e a confiabilidade dos dados obtidos (Resende, 2002; Ramalho *et al.*, 2012).

O coeficiente de variação genotípica (CVgi) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, sendo que valores elevados são desejáveis. Quanto maiores valores de CVgi, maiores as chances de ganhos com a seleção (Aguiar; Sousa; Shimizu, 2010). As estimativas de CVgi foram entre 12,56 % para largura de planta e 26,27 para número de ramos. A razão entre CVgi e CVe (coeficiente de variação experimental) permite obter o coeficiente de variação relativa (CVr). Quando a relação CVg/CVe tende a 1,0 ou é superior a 1,0, a variação genética supera a variação ambiental, o que é favorável para a obtenção de ganhos na seleção (Vencovsky, 1987). Os valores de CVr obtidos neste estudo foram superiores a 1,00 para todas as variáveis analisadas, indicando maior controle genético e menor influência de fatores ambientais nos fenótipos (Vencovsky; Barriga, 1992).

Na Tabela 10, são apresentadas a ordem de classificação, os valores genotípicos, os ganhos genéticos e as novas médias para as variáveis estudadas. O clone 7 se destacou como o primeiro colocado para NR, AP, NF, AF, tornando-se promissor, uma vez que se destacou para variáveis de caráter comerciais. Os clones 16 e 3 se destacaram para DM e LP respectivamente.

Tabela 10 - Ordem, Clone, ganho genético e novas médias dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, Ac, 2020 (continua)

Diâmetro do colo (DM)						Número de Ramos (NR)					
Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	16	3,17	9,47	3,17	9,47	1	7	3,79	9,99	3,79	9,99
2	7	2,68	8,98	2,93	9,22	2	16	3,79	9,99	3,79	9,99
3	3	0,69	6,99	2,18	8,48	3	3	0,79	6,99	2,79	8,99
4	11	0,69	6,99	1,81	8,11	4	14	0,79	6,99	2,29	8,49
5	14	0,69	6,99	1,59	7,88	5	2	-0,20	6,00	1,79	7,99
6	1	0,44	6,74	1,40	7,69	6	5	-0,20	6,00	1,46	7,66
7	2	0,20	6,49	1,22	7,52	7	10	-0,20	6,00	1,22	7,42
8	5	-0,29	6,00	1,03	7,33	8	11	-0,20	6,00	1,04	7,24
9	10	-0,29	6,00	0,89	7,18	9	15	-0,20	6,00	0,90	7,10
10	15	-0,29	6,00	0,77	7,06	10	4	-0,95	5,25	0,72	6,92
11	4	-1,28	5,00	0,58	6,88	11	1	-1,20	5,00	0,54	6,74
12	6	-1,28	5,00	0,42	6,72	12	6	-1,20	5,00	0,40	6,60
13	8	-1,28	5,00	0,29	6,59	13	8	-1,20	5,00	0,27	6,48
14	9	-1,28	5,00	0,18	6,48	14	9	-1,20	5,00	0,17	6,37
15	12	-1,28	5,00	0,08	6,38	15	12	-1,20	5,00	0,08	6,28
16	13	-1,28	5,00	0,00	6,29	16	13	-1,20	5,00	0,00	6,20

Tabela 10 - Ordem, Clone, ganho genético e novas médias dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, Ac, 2020 (continuação)

Altura de Planta (AP)						Largura de Planta (LP)					
Ordem	Clone	g	U+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	U+g	Ganho	Nova Média
1	7	8,39	44,91	8,39	44,91	1	3	9,53	47,24	9,53	47,24
2	16	8,39	44,91	8,39	44,91	2	7	7,42	45,13	8,48	46,19
3	3	6,56	43,09	7,78	44,30	3	16	7,42	45,13	8,13	45,83
4	10	3,46	39,99	6,70	43,23	4	5	2,85	40,56	6,81	44,52
5	14	2,97	39,50	5,95	42,48	5	10	1,42	39,13	5,73	43,44
6	5	2,54	39,07	5,39	41,91	6	2	0,10	37,81	4,79	42,50
7	2	0,78	37,30	4,73	41,25	7	9	-0,08	37,62	4,10	41,80
8	9	-0,44	36,08	4,08	40,61	8	14	-0,32	37,38	3,54	41,25
9	15	-0,66	35,86	3,55	40,08	9	13	-2,29	35,41	2,89	40,60
10	13	-1,08	35,44	3,09	39,62	10	1	-2,38	35,32	2,36	40,07
11	4	-1,71	34,81	2,65	39,18	11	6	-2,38	35,32	1,93	39,64
12	8	-3,38	33,14	2,15	38,68	12	12	-2,38	35,32	1,57	39,28
13	11	-5,16	31,36	1,59	38,11	13	4	-3,39	34,31	1,19	38,90
14	1	-6,89	29,63	0,98	37,51	14	11	-3,47	34,22	0,86	38,56
15	6	-6,89	29,63	0,45	36,98	15	15	-5,65	32,05	0,42	38,13
16	12	-6,89	29,63	0,00	36,52	16	8	-6,41	31,29	0,00	37,70

Tabela 10 - Ordem, Clone, ganho genético e novas médias dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, Ac, 2020 (continuação)

Número de Folhas (NF)						Área foliar (AF)					
Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	7	44,79	209,38	44,79	209,38	1	7	16,97	74,96	16,97	74,96
2	16	23,82	188,40	34,38	198,89	2	16	16,71	74,69	16,84	74,82
3	3	19,42	184,01	29,34	193,93	3	3	11,82	69,80	14,50	72,48
4	5	18,93	183,52	26,74	191,33	4	5	11,99	69,98	13,87	71,86
5	14	10,64	175,23	23,52	188,11	5	14	54,07	63,05	12,71	70,70
6	10	6,73	171,33	20,72	185,31	6	2	48,87	62,85	11,40	69,39
7	11	3,56	168,16	18,27	182,86	7	10	7,61	58,59	95,72	67,70
8	2	-0,09	164,50	15,97	180,57	8	11	-2,93	57,04	83,39	66,37
9	9	-0,57	164,01	14,13	178,73	9	9	-30,83	54,15	70,70	65,68
10	15	-3,99	160,59	12,32	176,91	10	4	-35,69	54,28	60,06	64,04
11	13	-6,43	158,16	10,61	175,21	11	8	-43,92	53,05	50,60	63,59
12	8	-10,82	153,76	8,83	173,42	12	15	-46,50	53,48	42,51	62,49
13	4	-15,70	148,89	6,94	171,53	13	13	-63,18	51,79	34,38	61,36
14	1	-29,85	134,74	4,31	168,91	14	1	-148,99	43,98	21,28	60,26
15	12	-29,85	134,74	2,03	166,63	15	6	-148,99	43,98	9,93	58,91
16	6	-30,58	134,01	0,00	164,59	16	12	-148,99	43,98	0,00	57,98

Tabela 10 - Ordem, Clone, ganho genético e novas médias dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, Ac, 2020 (continuação)

Massa Fresca (MFPA)						Massa Seca (MSPA)					
Ordem	Clone	G	u+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	7	123,35	431,56	123,35	431,56	1	7	26,40	92,89	26,40	92,89
2	16	114,16	422,37	118,75	426,97	2	16	24,15	90,64	25,27	91,77
3	3	81,90	390,11	106,47	414,68	3	3	21,17	87,66	23,91	90,40
4	5	75,89	384,10	98,82	407,04	4	5	18,61	85,10	22,58	89,07
5	2	38,68	346,89	86,80	395,01	5	2	10,65	77,14	20,20	86,69
6	14	7,59	315,80	73,59	381,81	6	14	2,98	69,48	17,33	83,82
7	10	-19,07	289,13	60,35	368,57	7	10	-2,91	63,57	14,43	80,93
8	11	-32,94	275,26	48,69	356,90	8	1	-5,93	60,55	11,89	78,38
9	4	-36,82	271,38	39,19	347,40	9	4	-6,82	59,66	9,81	76,30
10	9	-37,17	271,03	31,55	339,76	10	9	-6,90	59,58	8,14	74,63
11	1	-41,02	267,18	24,95	333,17	11	8	-8,92	57,56	6,58	73,08
12	12	-41,02	267,18	19,46	327,67	12	15	-13,33	53,15	4,92	71,42
13	8	-46,34	261,86	14,39	322,60	13	1	-14,23	52,25	3,45	69,94
14	6	-49,30	258,90	9,84	318,05	14	12	-14,23	52,25	2,19	68,68
15	15	-66,34	241,87	4,76	312,98	15	13	-14,47	52,01	1,07	67,57
16	13	-71,53	236,67	0,00	308,21	16	6	-16,18	50,30	0,00	66,49

Métodos eficientes devem ser aplicados na seleção dos genitores para a geração de variabilidade genética. Os valores genotípicos são preferíveis para os melhoristas, pois representam os verdadeiros valores a serem reproduzidos nas populações melhoradas (Borges *et al.*, 2010). Neste estudo, o clone 7 se destacou como o mais promissor com base nos valores genotípicos preditos (g) para as variáveis NR, AP, NF, AF, MFPA e MSPA.

Os resultados da avaliação da acurácia de seleção e dos intervalos de confiança (LIIC e LSIC) dos valores genéticos preditos para os 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia estão apresentados na Tabela 11. Todos os valores de acurácia (Acclom) estão acima de 0.95, o que indica que o processo de seleção foi eficaz. A alta acurácia reflete a qualidade das informações e dos procedimentos de predição dos valores genéticos, e está associada à precisão da seleção. Os valores obtidos superam os limites recomendados por Resende e Duarte (2007) e Resende (2007), que sugerem acurácia acima de 0,70 (ou 70%) para o processo de seleção em programas de melhoramento.

Tabela 11 - Ordem, Clone, valor genotípico, limite inferior, limite superior do intervalo de confiança (LIIC e LIISC, respectivamente) e acurácia dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, AC, 2020 (Continua)

Diâmetro (DM)						Número de Ramos (NR)					
Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia	Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia
1	16	9,47	8,75	10,19	0,96	1	7	9,99	9,18	10,80	0,96
2	7	8,98	8,25	9,70	0,96	2	16	9,99	9,18	10,80	0,96
3	3	6,99	6,27	7,71	0,96	3	3	6,99	6,19	7,80	0,96
4	11	6,99	6,27	7,71	0,96	4	14	6,99	6,19	7,80	0,96
5	14	6,99	6,27	7,71	0,96	5	2	6,00	5,19	6,80	0,96
6	1	6,74	6,02	7,46	0,96	6	5	6,00	5,19	6,80	0,96
7	2	6,49	5,77	7,22	0,96	7	10	6,00	5,19	6,80	0,96
8	5	6,00	5,27	6,72	0,96	8	11	6,00	5,19	6,80	0,96
9	10	6,00	5,27	6,72	0,96	9	15	6,00	5,19	6,80	0,96
10	15	6,00	5,27	6,72	0,96	10	4	5,25	4,44	6,05	0,96
11	4	5,00	4,28	5,73	0,96	11	1	5,00	4,19	5,80	0,96
12	6	5,00	4,28	5,73	0,96	12	6	5,00	4,19	5,80	0,96
13	8	5,00	4,28	5,73	0,96	13	8	5,00	4,19	5,80	0,96
14	9	5,00	4,28	5,73	0,96	14	9	5,00	4,19	5,80	0,96
15	12	5,00	4,28	5,73	0,96	15	12	5,00	4,19	5,80	0,96
16	13	5,00	4,28	5,73	0,96	16	13	5,00	4,19	5,80	0,96

Tabela 11 - Ordem, Clone, valor genotípico, limite inferior, limite superior do intervalo de confiança (LIIC e LIISC, respectivamente) e acurácia dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, AC, 2020 (Continuação)

Altura de Planta (AP)						Largura de Planta (LP)					
Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia	Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia
1	7	44,91	42,01	47,81	0,95	1	3	47,24	44,61	49,87	0,95
2	16	44,91	42,01	47,81	0,95	2	7	45,13	42,51	47,76	0,95
3	3	43,09	40,19	45,99	0,95	3	16	45,13	42,51	47,76	0,95
4	10	39,99	37,09	42,89	0,95	4	5	40,56	37,93	43,19	0,95
5	14	39,50	36,60	41,97	0,95	5	10	39,13	36,50	41,75	0,95
6	5	39,07	36,17	40,21	0,95	6	2	37,81	35,18	40,44	0,95
7	2	37,30	34,40	38,98	0,95	7	9	37,62	35,00	40,25	0,95
8	9	36,08	33,18	38,76	0,95	8	14	37,38	34,75	40,00	0,95
9	15	35,86	32,96	38,34	0,95	9	13	35,41	32,78	38,03	0,95
10	13	35,44	32,54	37,71	0,95	10	1	35,32	32,70	37,95	0,95
11	4	34,81	31,91	36,04	0,95	11	6	35,32	32,70	37,95	0,95
12	8	33,14	30,24	34,26	0,95	12	12	35,22	32,70	37,95	0,95
13	11	31,36	28,46	32,53	0,95	13	4	34,31	31,68	36,94	0,95
14	1	29,63	26,73	32,53	0,95	14	11	34,22	31,60	36,85	0,95
15	6	29,63	26,73	32,53	0,95	15	15	32,05	29,43	34,68	0,95
16	12	29,63	26,73	32,53	0,95	16	8	31,29	28,67	33,92	0,95

Tabela 11 - Ordem, Clone, valor genotípico, limite inferior, limite superior do intervalo de confiança (LIIC e LIISC, respectivamente) e acurácia dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, AC, 2020 (Continuação)

Número de folhas (NF)						Área foliar (AF)					
Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia	Ordem	Clone	VG	LIIC	LIISC	Acurácia
1	7	209,38	197,21	221,55	0,95	1	7	74,96	69,89	80,02	0,96
2	16	188,40	176,23	200,57	0,95	2	16	74,69	68,63	79,75	0,96
3	3	184,01	171,84	196,18	0,95	3	3	69,80	64,74	75,86	0,96
4	5	183,52	171,35	195,69	0,95	4	5	69,00	63,91	74,04	0,96
5	14	175,23	163,06	187,40	0,95	5	14	63,05	57,99	68,12	0,96
6	10	171,33	159,16	183,50	0,95	6	2	62,85	57,79	63,92	0,96
7	11	168,16	155,99	180,33	0,95	7	10	58,59	53,53	63,66	0,96
8	2	164,50	152,33	176,67	0,95	8	11	57,04	52,98	63,11	0,96
9	9	164,01	151,84	176,18	0,95	9	9	54,15	49,08	60,21	0,96
10	15	160,59	148,42	172,76	0,95	10	4	54,05	48,99	59,11	0,96
11	13	158,16	145,98	170,33	0,95	11	8	53,60	48,09	59,01	0,96
12	8	153,76	141,59	165,93	0,95	12	15	53,48	47,41	58,54	0,96
13	4	148,89	136,72	161,06	0,95	13	13	51,79	46,73	57,86	0,96
14	1	134,74	122,57	146,91	0,95	14	1	43,98	37,95	48,04	0,96
15	12	134,74	122,57	146,91	0,95	15	6	43,98	37,95	48,04	0,96
16	6	134,01	121,84	146,18	0,95	16	12	43,98	37,95	48,04	0,96

Tabela 11 - Ordem, Clone, valor genotípico, limite inferior, limite superior do intervalo de confiança (LIIC e LIISC, respectivamente) e acurácia dos 16 genótipos de espinafre-da-Amazônia, Rio Branco, AC, 2020 (Continuação)

Massa Fresca da Parte Aérea (MFPA)						Massa Seca da Parte Aérea (MSPA)					
Ordem	Clone	VG	LII	LIISC	Acurácia	Ordem	Clone	VG	LII	LIISC	Acurácia
1	7	431,56	395,36	467,75	0,95	1	7	92,89	84,57	101,21	0,96
2	16	422,37	386,18	458,57	0,95	2	16	90,64	82,32	98,96	0,96
3	3	390,11	353,91	426,30	0,95	3	3	87,66	79,34	95,98	0,96
4	5	384,10	347,91	420,30	0,95	4	5	85,10	76,78	93,42	0,96
5	2	346,89	310,70	383,09	0,95	5	2	77,14	68,82	85,46	0,96
6	14	315,80	279,61	352,00	0,95	6	14	69,48	61,16	77,80	0,96
7	10	289,13	252,93	325,32	0,95	7	10	63,57	55,25	71,89	0,96
8	11	275,26	239,07	311,45	0,95	8	11	60,55	52,23	68,87	0,96
9	4	271,38	235,19	307,58	0,95	9	4	59,66	51,34	67,98	0,96
10	9	271,03	234,84	307,23	0,95	10	9	59,58	51,26	67,90	0,96
11	1	267,18	230,99	303,38	0,95	11	8	57,56	49,24	65,88	0,96
12	12	267,18	230,99	303,38	0,95	12	15	53,15	44,83	61,47	0,96
13	8	261,86	225,66	298,05	0,95	13	1	52,25	43,93	60,57	0,96
14	6	258,90	222,71	295,10	0,95	14	12	52,25	43,93	60,57	0,96
15	15	241,87	205,67	278,06	0,95	15	13	52,01	43,69	60,33	0,96
16	13	236,67	200,48	272,87	0,95	16	6	50,30	41,98	58,62	0,96

4.4 CONCLUSÕES

Com base nas estimativas obtidas dos parâmetros genéticos para os genótipos de espinafre-da-Amazônia, este estudo revelou uma situação altamente favorável para a seleção e abre boas perspectivas para um programa de melhoramento genético. O procedimento REML/BLUP demonstrou ser altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos.

De acordo com as análises realizadas, o clone 7 se destacou como o mais promissor para a seleção, com base nos valores genotípicos preditos (g) para várias características de interesse. Portanto, para efeito de seleção, o clone 7 é o mais indicado, apresentando grande potencial para o desenvolvimento de variedades superiores de espinafre-da-Amazônia.

Esses resultados fornecem uma base sólida para futuros esforços de melhoramento genético dessa espécie, visando ao desenvolvimento de cultivares com características agronômicas desejáveis, o que pode contribuir significativamente para o aumento da produtividade e qualidade do espinafre-da-Amazônia na região de Rio Branco, AC.

REFERENCIAS

- AGRITEMPO. 2018. Sistema de monitoramento agrometeorológico. **Dados meteorológicos:** Acre. Disponível <<http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumário?uf=AC>>. Acesso 15 maio 2018.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 107-107, 2010. Disponível em: <http://pfb.cnpf.embrapa.br/pfb/index.php/pfb/article/view/94>. Acesso em: 05 abr. 2023.
- ALAM, M. A.; RAHMAT, N. A.; MIJIN, S.; RAHMAN, M. S.; HASAN, M. M. Influence of palm oil mill effluent (POME) on growth and yield performance of Brazilian spinach (*Alternanthera sissoo*). **Journal of Agrobiotechnology**, v. 13, n. 1, p. 40-49, 2022. Disponível em: <https://journal.unisza.edu.my/agrobiotechnology/index.php/agrobiotechnology/article/view/287> Acesso em: 13 set. 2023.
- ANUAR, A. K. K. A comparative study on phytochemical constituents and antimicrobial activity of *Alternanthera sissoo* extracts. **Enhanced Knowledge in Sciences and Technology**, v. 2, n. 2, p. 043-051, 2022. Disponível em: <https://publisher.uthm.edu.my/periodicals/index.php/ekst/article/view/5520>. Acesso em: 20 jun. 2023.
- AZEVEDO A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, J. R. S. Estudo da repetibilidade genética em clones de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 1, p. 054-058, jan./ mar. 2016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/fSQzBqdvM7DRvDw5hFHKFSP/>. Acesso em: 14 set. 2023.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010.
- BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; AZEVEDO, A. M.; DONATO, L. M. S.; SILVA, A. J. M.; OLIVEIRA, A. J. M. Genetic divergence between half-sibling progenies of kale using different multivariate approaches. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 39, p. 178-185. 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/K8MggfJnCMJ75yQVKNWdLCv/>. Acesso em: 11 fev. 2023.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, p. 643-649, dez. 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/YDQydwpZLm6KCT6KPGkd6wQ/?lang=pt>. Acesso em: 15 jul. 2023.
- CARVALHO, A. D. F.; SILVA, G. O.; RESENDE, F. V. Adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelo método REML/BLUP. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 69-74, 2017. <https://www.scielo.br/j/hb/a/Z9dqG3Xnc3mR6P3m4DxJyFr/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 14 set. 2023.

CORDEIRO, S. Z. *Alternanthera sessilis* (L.) R.Br. ex DC: Herbário". 2020. www.unirio.br. Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://www.unirio.br/ccbs/ibio/herbariohuni/alternanthera-sessilis-l-r-br-ex-dc>. Acesso em: 13 abr. 2022.

CANDIDO, W. S.; SOARES, R. S.; FRANCO, C. A.; DINIZ, G. M. M.; SILVA, E. H. C.; MARIN, M.V.; BRAZ, L. T. Stability and adaptability of curled green-leaf lettuce lines using the REML/Blup mixed model. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 52, n. 3, p. 298-306, Mar. 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/RbP5YKggqJSTTVTMNCfRDmzt/?lang=en>. Acesso em: 13 abr. 2022.

COSTA, R. B. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GONÇALVES, P. D. S.; CHICHORRO, J. F.; ROA, R. A. R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, v. 67, p. 299-305, 2008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/ZDknyrrXWwD4HvqsBYb9zkz/>. Acesso em: 13 abr. 2022.

COSTA, R. B. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GONÇALVES, P. D. S.; ROA, R. A. R.; FEITOSA, K. C. D. O. Predição de parâmetros e valores genéticos para caracteres de crescimento e produção de látex em progênies de seringueira. **Bragantia**, v. 69, p. 49-56, 2010. Disponível em: Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/ZDknyrrXWwD4HvqsBYb9zkz/>. Acesso em: 13 abr. 2022. Acesso em: 13 abr. 2022.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

FERREIRA, A. B.; CRUZ, K. S.; NASCIMENTOS, M. M.; LIMA, M. S.; TORRES, N. S.; ARAGÃO JUNIOR, A. C. Physicochemical analysis of brazilian spinach grown líder doses of urea. **Scientia Agraria Paranaensis**, Marechal Cândido Rondon, v. 20, n. 4, oct./dec., p. 365-370, 2021. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/28202>. Acesso em: 15 set. 2023.

GAYA, L. de G.; MOURÃO, G. B.; FERRAZ, J. B. S. Genetic-quantitative aspects of performance, carcass and body composition traits in broilers. **Ciência Rural**, v. 36, p. 709-716, 2006. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/f46rs4SSWcjTGbH6QvY8sFQ/abstract/?stop=next&lang=en&format=html>. Acesso em: 10 jun. 2023.

HIKMA, E.; NURLAILA, A.; NUKAHAK, N. S. A.; APRIANI, R. R. A.; MULYAWAN, R. A.; ISMUHAJAROHB, B. N. Leaf Morphology of Brazilian Spinach (*Alternanthera sissoo*) as a Backyard Vegetable. **International journal of agricultural sciences**, v. 5, n. 2, p. 56-59, 2021. Disponível em: <https://repo-dosen.ulm.ac.id/handle/123456789/26356>. Acesso em: 18 jun. 2023.

HE, M.; HUA, Z.; CHEN, H.; LIU, Y.; LI, Y.; ZHANG, Z. Effects of simulated acid rain on rhizosphere microorganisms of invasive *Alternanthera philoxeroides* and native *Alternanthera sessilis*. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, n. 1, p. 1-15, 2022. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2022.993147/full>. Acesso em: 02 jul. 2023.

KINUPP, V. F.; LORENZI, H. **Plantas alimentícias não convencionais (PANC) no Brasil: guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas**. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora. 2014.

MILECH, C. **Compostos bioativos induzidos por elicitores em *Alternanthera sessilis***. 2016, 80f. Dissertação (Mestrado em Fisiologia Vegetal) – Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal, Instituto de Biologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2016. Disponível em: <https://repositorio.ufpel.edu.br/handle/prefix/3593?locale-attribute=en>. Acesso em: 15 set. 2023.

NOGUEIRA, T. A. P. C.; NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A. DOS; TAKAHASHI, E. K.; RESENDE, M. D. V. DE; CORRADI, I. S. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 123, p. 451-462, set. 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/1114081/1/2019M.DeonSFEstimativa.pdf>. Acesso em: 15 set. 2023.

OTSUBO, H. C. B.; MORAES, M. L. T.; MORAES, M. A.; NETO, M. J.; FREITAS, M. L. M.; COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão Sul-mato-grossense. **Cerne**, Lavras, v. 21 n. 4, p. 535-544. 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cerne/a/JhgBNrcjkbqX858Lb4Myqks/#>Acesso em: 15 set. 2023.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

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

RESENDE, M. D. V. D. **O Software SELEGEN-REML/BLUP**. Campo Grande: Documentos Embrapa, 2006. 305 p

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

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. de. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Parte do Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32/33, n. 1, p. 23–42, jan. 1996. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPF-2009-09/4917/1/mresende1.pdf>. Acesso em: 05 fev. 2023.

ROCHA, R. B.; ROCHA, M. G. B.; SANTANA, R. C.; VIEIRA, A. Estimação de parâmetros genéticos e seleção de procedências e famílias de *Dipteryx alata* Vogel (baru) utilizando metodologia de REML-BLUP e E(QM). **Cerne**, Lavras. v. 15, n. 3, p. 331-338, jul. /set. 2009. Disponível em: <http://www.bibliotecaflorestal.ufv.br/handle/123456789/15957>. Acesso em: 05 fev. 2023.

RUFINO, E. R.; SIQUEIA, W. J.; MARQUES, M. O. M.; COLOMBO, C. A.; AZEVEDO FILHO, J. A.; MARTINS, A. L. M. Selection of new clones of linalool chemotype from genetic recombination in *Lippia alba*. **Bragantia**, v. 71, n. 2, p.155-164, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/HcRcw5cmR8pVc9djGQvdztL/?lang=en>. Acesso em: 14 set. 2023.

SANTOS, W. G.; PEREIRA, F. B.; HOMCZINSKI, I.; MUNHOZ, L. V.; PERES, F. S. B.; TAMBARUSSI, E. V. Estimativa de parâmetros e predição de valores genéticos em clones de *Pereskia aculeata* mill. **Rev. Inst. Flor.**, v. 31 n. 1 p. 57-64 jun. 2019. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAF-RO-2010/14352/1/estimacao.pdf>. Acesso em: 14 set. 2023.

SATO, A. S.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinífera* aos 21 anos de idade em Luiz Antonio-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v.19, n. 2, p. 93-100, 2007. Disponível em: https://smastr16.blob.core.windows.net/iflorestal/ifref/RIF19-2/RIF19-2_93-100.pdf. Acesso em: 14 set. 2023.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; AZEVEDO, F. Q.; CARVALHO, A. D.; PINHEIRO, J. B. Selection of potato clones for tuber yield, vine maturity and frying quality. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 276-281, April/June 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/hHd7t8HSrthZhJZTDsmvYJR/?lang=en>. Acesso em: 15 jul. 2023.

SILVA, M. C. DA; OLIVEIRA, R. V.; SOUZA, J. K. M. DE; SILVA, M. C. DA; MOURA, P. A.; LIMA, A. P. A. DE; FERREIRA, R. L. F. Qualidade de mudas de espinafre da Amazônia (*Alternanthera sessilis*) produzidas com uso de substratos distintos. **Scientia Naturalis**, v. 4, n. 2, 2022. Disponível em: <https://periodicos.ufac.br/index.php/SciNat/article/view/6256>. Acesso em: 07 set. 2023.

SOMMAI, S.; CHERDTHONG, A.; SUNTARA, C.; SO, S.; WANAPAT, M.; POLYORACH, S. In vitro fermentation characteristics and methane mitigation responded to flavonoid extract levels from *Alternanthera sissoo* and dietary ratios. **Fermentation**, v. 7, n. 3, p. 1-15, 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2311-5637/7/3/109>. Acesso em: 02 set. 2023.

TOENSMEIER, E. **White River Junction**. United States, CO: Chelsea Green Publishing, 2007.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. . Ribeirão Preto: Sbg, 1992.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill. v.1. p.137-214. 1987.

VIEIRA, J. V.; SILVA, G. O. D.; BOITEUX, L. S.; SIMON, P. W. Divergência genética entre acessos de cenoura pertencentes a grupos varietais distintos utilizando caracteres morfológicos. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 473-477, 2009.

5 ARTIGO III

SELEÇÃO CLONAL INDIVIDUAL EM GENÓTIPOS DE ESPINAFRE-DA-AMAZÔNIA *Alternanthera sessilis* (L.) DC. VIA REML/BLUP

RESUMO

Este estudo teve como objetivo, selecionar clones de espinafre-da-Amazônia por meio da metodologia REML/BLUP, contribuindo para o avanço da produção e o fortalecimento dessa cultura na região. O estudo da seleção clonal individual foi dividido em duas etapas. A primeira foi a formação da população heterogênea realizada em 2020, onde foi formado um plantio utilizando 2000 plantas provenientes dos 16 genótipos do banco de germoplasma da UFAC. Cada genótipo contribuiu com 127 mudas. Após 45 dias do transplantio das mudas, foram selecionadas 200 plantas ($i = 10\%$) com base nos seguintes caracteres: Altura de planta, número de folhas, Massa fresca da parte aérea, Massa seca da parte aérea e área foliar. Dentre as 200 plantas selecionadas, 20 foram plantadas em linhas e submetidas aos ciclos de seleção. A segunda parte da seleção clonal individual foi realizado dois ciclos de seleção que ocorreram em março a maio de 2021 e setembro a outubro de 2021 respectivamente. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos ao acaso (DBC), com 20 tratamentos e quatro repetições. Cada tratamentos correspondia a um clone proveniente da população heterogênea de *Alternanthera Sessilis* (L.). As parcelas experimentais consistiram em 16 plantas, sendo avaliadas as quatro plantas centrais de cada parcela. As estimativas dos componentes de variâncias e os valores genéticos foram obtidos por meio do software Selegen-REML/BLUP, utilizando o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas). Os valores dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados, indicam excelente possibilidade para seleção clonal individual de genótipos utilizando a metodologia REML/BLUP. De acordo com as análises realizadas, o clone 20, se destacou em todos os caracteres avaliados, como o mais promissor para a seleção, apresentando grande potencial para o desenvolvimento de novas cultivares de espinafre-da-Amazônia.

Palavras-chave: Variabilidade genética; parâmetros genéticos; modelos mistos.

ABSTRACT

This study aimed to select Amazon spinach clones using the REML/BLUP methodology, contributing to the advancement of production and the strengthening of this crop in the region. The study of individual clonal selection was divided into two stages. The first was the formation of the heterogeneous population carried out in 2020, where a plantation was formed using 2000 plants from the 16 genotypes in the UFAC germplasm bank. Each genotype contributed 127 seedlings. After 45 days of transplanting the seedlings, 200 plants ($i = 10\%$) were selected based on the following characters: Plant height, number of leaves, fresh mass of the aerial part, dry mass of the aerial part and leaf area. Among the 200 selected plants, 20 were planted in lines and subjected to selection cycles. The secundo part of the individual clonal selection was carried out in two selection cycles that took place in March to May 2021 and September to October 2021 respectively. The experimental design used was randomized complete blocks (DBC), with 20 treatments and four replications. Each treatment corresponded to a clone originating from the heterogeneous population of *Alternanthera Sessilis* (L.). The experimental plots consisted of 16 plants, with the four central plants of each plot being evaluated. Estimates of variance components and genetic values were obtained using the Selegen-REML/BLUP software, using model 20 (Random blocks, test of unrelated clones, one plant per plot or average of plots). The values of the variance components and genetic parameters for the evaluated characters indicate an excellent possibility for individual clonal selection of genotypes using the REML/BLUP methodology. According to the analyzes carried out, clone 20 stood out in all the characters evaluated, as the most promising for selection. Therefore, for selection purposes, clone 20 is the most suitable, presenting great potential for the development of superior varieties of Amazon spinach.

Keywords: Genetic variability; genetic parameters; mixed models.

5.1 INTRODUÇÃO

O espinafre-da-Amazônia - *Alternanthera sessilis* (L.) R. Br. Ex DC, é uma planta pertencente à família Amaranthaceae, caracterizada pela reprodução assexuada. Suas folhas apresentam uma coloração verde escuro e textura encarquilhada, enquanto seu porte pode variar de ereto a decumbente, atingindo altura de até 30 cm (Kinnup, Lorenzi, 2014; Ferreira *et al.*, 2021).

A propagação do espinafre-da-Amazônia é tradicionalmente realizada por meio de estacas obtidas a partir do caule da planta. A propagação vegetativa é uma alternativa viável para a produção de mudas que possibilitam o estabelecimento de novos cultivos com maior produtividade, uniformidade e qualidade (Silva, 2005).

A seleção de plantas para a propagação assexuada baseia-se nos valores genotípicos dos clones. Para prever os benefícios da seleção de clones não aparentados é necessário estimar a variância genotípica associada à ação aditiva e não aditiva dos genes (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004).

Dentre os principais métodos para a estimação desses parâmetros genéticos, destaca-se o REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não-Viesada). Essa abordagem permitir a predição de valores genéticos com base nas observações fenotípicas, levando em conta efeitos fixos e diferentes quantidades de informações disponíveis por parcela (Resende, 2002).

A geração de novos clones melhorados desempenha um papel fundamental na melhoria dos processos produtivos. A busca por um maior número de cultivares de espinafre-da-Amazônia aperfeiçoadas por meio da seleção individual, resulta em custo de produção mais baixo, maior produtividade e qualidade. Isso, por sua vez, torna a cultura mais competitiva e com um retorno econômico mais elevado, atraindo produtores e incentivando o crescimento dessa atividade agrícola.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi selecionar clones de espinafre-da-Amazônia por meio da metodologia REML/BLUP, contribuindo para o avanço da produção e o fortalecimento dessa cultura na região.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nos anos de 2020 e 2021, na horta experimental da Universidade Federal do Acre (UFAC), localizada na Rodovia BR 364, Km 04, s/n - Distrito Industrial, Rio Branco – AC. As coordenadas geográficas exatas dessa localização são latitude 9° 57' 35" S e longitude 67° 52' 08" O, com uma altitude de 150 m. O clima na região, classificado como do tipo AWI (quente e úmido) de acordo com a classificação de Köppen, apresenta temperaturas médias variando de 21 °C a 31 °C, uma precipitação anual de 1.648,94 mm e uma umidade relativa de 83% (AGRITEMPO, 2018).

Os genótipos de espinafre-da-Amazônia foram obtidos a partir do banco de germoplasma da Ufac. Onde os genótipos foram coletados junto a agricultores da região norte e de feiras locais no ano de 2019, conforme descrito na Quadro 3.

Quadro 3 - Identificação e origem dos genótipos *Alternanthera sessilis* (L.) DC. que compõem o Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021.

Genótipos	Identificação	Local de coleta	Origem
01	AM-1	Feira Manaus Moderna	Manaus – AM
02	AM-2	Feira do Produtor	Manaus – AM
03	AM-3	Horta Rural	Manaus – AM
04	AM-4	Horta Urbana	Novo Aarão – AM
05	AM-5	Quintais urbanos	Envira - AM
06	AM-6	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
07	AM-7	Sítio japonês	Rio Preto da Eva – AM
08	AC-1	Colônia Esperança	Tarauacá – AC
09	AC-2	Horta Rural	Rio Branco – AC
10	AC-3	Horta Urbana	Mâncio Lima – AC
11	AC-4	Polo agroflorestal	Xapuri – AC
12	RR-1	Sítio primavera	Rorainópolis – RR
13	RR-2	Feira do garimpeiro	Boa Vista -RR
14	RR-3	Sítio Açai	Bonfim -RR
15	RO-1	Feira livre	Porto Velho-RO
16	AP-1	Horta urbana	Porto Grande – AP

A seleção clonal individual foi conduzida de acordo com a metodologia proposta por Ferreira (2006). Esse método envolve a seleção de plantas individuais em uma população heterogênea, seguida da retirada dos órgãos vegetativos usados para a multiplicação da espécie.

Posteriormente, os clones foram avaliados em ensaios de campo, e os mais promissores foram selecionados para constituir as novas variedades. O processo de seleção clonal individual abrange duas etapas distintas (FERREIRA, 2006): a) seleção de plantas individuais dentro da população heterogênea e plantio dos clones em linhas; b) condução dos ensaios de produção por um período mínimo de dois a três anos para selecionar os clones que integrarão as novas.

População heterogênea

A formação da população heterogênea foi realizada entre maio a agosto de 2020, utilizando 2000 plantas provenientes dos 16 genótipos do banco de germoplasma da UFAC. Cada genótipo contribuiu com 127 mudas.

O preparo do solo foi realizado com aração e gradagem com profundidade de 30 cm. Posteriormente, a camada superficial do solo (0-20 cm) foi revolvida com o auxílio de um microtrator. Com base no diagnóstico da análise de solo (Tabela 1), foi realizada a calagem e a adubação de plantio na área total do experimento.

Tabela 12. Atributos químicos da camada 0 - 20 cm do Argissolo Vermelho Amarelo da área plantio heterogêneo, no município de Rio Branco - Acre, Horta/UFAC.

pH	MO	P-rem	V	m	P ^{1/}	K ^{1/}	Ca ^{2/}	Mg ^{2/}	Al ^{2/}	SB	Al+H ³	(t)	(T)
H ₂ O	dag kg ⁻¹	mg L ⁻¹	%		mg dm ⁻³		cmol _c dm ⁻³						
4,2	1,1	40,0	43	0,0	1,8	58,0	1,0	0,5	0,0	1,64	2,2	1,64	3,84

Análise realizada no Laboratório de Análises de Solos da UNIFENAS. ^{1/}Extrator Mehlich 1; ^{2/}Extrator KCl 1 mol L⁻¹; ^{3/}Extrator Ca (OAC)₂ 0,5 mol L⁻¹, pH 7,0.

Uma quantidade de 1.500 kg ha⁻¹ de calcário dolomítico foi aplicada uniformemente sobre os canteiros e incorporada ao solo, com o objetivo de elevar a saturação por bases para cerca de 70%. Além disso, para cada metro de canteiro, foi adicionado (10 litros) de esterco de curral bem curtido, 300 gramas de superfosfato

simples e 30 gramas de cloreto de potássio, conforme recomendação EMBRAPA (2006).

As mudas foram preparadas em um substrato composto por uma mistura de solo, pó de serra e esterco de aves na proporção 3:1:1 (v/v). As plantas foram propagadas por estaquia, utilizando estacas de 10 cm de comprimento, inseridas em recipientes plásticos descartáveis de 500 ml contendo o substrato. As mudas foram mantidas em um viveiro coberto com tela que permitia 50% de retenção de luz, por um período de 15 dias, conforme a recomendação de Cruz (2018). Após esse período, as mudas foram transplantadas para os canteiros, com espaçamento de 20 cm x 20 cm entre plantas, com um total de 7 canteiros.

A irrigação foi realizada durante todo o ciclo da cultura, por meio de um sistema de gotejamento, com gotejadores espaçados a cada 20 cm, vazão 1,6 l/h, pressão de serviço de 1 bar. O manejo das plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais semanais, enquanto o controle de insetos-praga foi realizado com a aplicação de extrato de nim (*Azadirachia indica* A. Juss) a uma concentração de 1%, conforme a necessidade da cultura.

Aos 45 dias após o transplante das mudas, foram selecionadas 200 plantas ($i = 10\%$) com base nos seguintes caracteres: Altura de planta, número de folhas, Massa fresca da parte aérea, Massa seca da parte aérea e área foliar. Dentre as 200 plantas selecionadas, 20 foram plantadas em linhas e submetidas aos ciclos de seleção.

Ciclos de seleção

Os ciclos de seleção 1 e 2 ocorreram em março a maio de 2021 e setembro a outubro de 2021 respectivamente. Esses plantios foram conduzidos em casa de vegetação não climatizada com estrutura metálica em forma de arco, coberta com 150 mm de polietileno de baixa densidade (PBDE). A casa de vegetação estava localizada na horta da UFAC.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos ao acaso (DBC), com 20 tratamentos e quatro repetições. Cada tratamento correspondia a um clone proveniente da população heterogênea de *Alternanthera Sessilis* (L.). As parcelas experimentais consistiram em 16 plantas, sendo avaliadas as quatro plantas centrais de cada parcela.

O solo foi corrigido e adubação conforme necessidade da cultura. Foi aplicado 1.000 kg ha^{-1} de calcário dolomítico sobre os canteiros, incorporando-o ao solo para elevar a saturação por bases para aproximadamente 70%.

O preparo do solo incluiu aração, levantamento de canteiros, distribuição do adubo e incorporação. Para cada metro de canteiro, distribuição do adubo e incorporação. Para cada metro de canteiro, foram adicionados (10 litros) de esterco de curral bem curtido, 300 gramas de superfosfato simples e 30 gramas de cloreto de potássio, conforme recomendação EMBRAPA (2006).

As mudas foram preparadas em substrato composto por uma mistura de solo, pó de serra e esterco de aves na proporção 3:1:1 (v/v). As plantas foram propagadas por estaquia, utilizando estacas de 10 cm de comprimento, inseridas em recipientes plásticos descartáveis de 500 ml contendo substrato. As mudas foram mantidas em viveiro com tela que permitia 50% de retenção de luz, por um período de 15 dias, conforme a recomendação de Cruz (2018). Após esse período, as mudas foram transplantadas para a casa de vegetação, com espaçamento 20 cm x 20 cm entre as plantas.

O manejo das plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais, e o controle de insetos-praga foi feito com a aplicação de extrato de nim (*Azadirachia indica* A. Juss) a 1% de concentração, conforme necessário. O suprimento de água foi garantido por meio de sistema de irrigação por microaspersão, utilizando nebulizadores com vazão de 30 l h⁻¹, pressão de 1,5 kg cm⁻² e raio de alcance de 2,4 a 2,7 m.

Aos 45 dias após o transplante das mudas, as quatro plantas centrais da área útil de cada parcela foram selecionadas para a avaliação dos seguintes caracteres; número de folhas (NF – avaliado através de contagem); altura das plantas em cm (AP – medida com régua graduada do colo da planta à extremidade da última folha); área foliar (AF – medida em cm², medida com auxílio do equipamento CI 202 Potable Laser -Leaf Area Mester); massa fresca da parte aérea (MFPA – gramas planta⁻¹, determinadas por pesagem das plantas em balança de precisão); massa seca da parte aérea (MS – g planta⁻¹, determinadas após secagem das plantas em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C até atingir massa constante).

As estimativas dos componentes de variâncias e os valores genéticos foram obtidos por meio do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007), utilizando o modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas) representado matricialmente por: $y = Xr + Zg + e$. Neste modelo, y representa o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos

desconhecidos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros (aleatórios). As matrizes X e Z representam as incidências desses efeitos (Resende, 2002).

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual):

- Vg: Variância genotípica.
- Ve: Variância residual (ambiental).
- Vf: Variância fenotípica individual.
- h²g: Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos.
- h²mc: Herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.
- Acclon: Acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.
- CVgi%: Coeficiente de variação genotípica.
- CVe%: Coeficiente de variação residual.
- CVr = CVg/CVe = Coeficiente de variação relativa.
- PEV: Variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcela.
- SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcela.
- Média geral do experimento

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Neste estudo, analisamos a variação genética e a eficácia da seleção em genótipos de espinafre-da-Amazônia ao longo de dois ciclos de seleção. O processo de estimação e interpretação dos componentes de variância são fundamentais no processo de seleção, pois possibilitam ao melhorista averiguar, diante da variabilidade total observada, qual a magnitude desta é devido à fatores genéticos (Ramalho et al., 1993; Borém e Miranda, 2013).

Segundo Cruz et al. (2014), o conhecimento da variância genotípica é fundamental para seleção em programas de melhoramento genético pelo fato de indicar a amplitude de variação genética da população para um determinado caráter. As estimativas do coeficiente de variação genotípico, que mensuram a proporção variância total devida à variação genotípica entre os clones, indicaram a predominância do componente genético na expressão de característica (Cruz, Regazzi e Carneiro 2004).

verificou-se que os coeficientes de variação fenotípicos (CVe) variaram de 4,15%, para MFPA, a 17,42 %, para AF. Em geral, os valores de CVe foram maiores para os caracteres AF e MSPA na tabela 13, sujeitos a maior influência ambiental. Mesmo assim, pode-se concluir que a precisão experimental, obtida nos experimentos, foi adequada e está de acordo com resultados encontrados na literatura (Silva et al., 2006; Melo et al., 2011; Fekadu et al., 2013).

As estimativas de parâmetros genotípicos demonstram que herdabilidades médias (h^2_{mc}) apresentaram magnitude de média a alta para as características avaliadas. Estas características são consideradas importantes para o consumo do espinafre-da-Amazônia, devendo a seleção buscar o acréscimo das mesmas.

Tabela 13 – Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, altura de planta (AP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA), em genótipos de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos de seleção. Rio Branco - AC, 2021.

	AP		AF		MFPA	
	Ciclo1	Ciclo2	Ciclo1	Ciclo 2	Ciclo1	Ciclo 2
Vg	1.93	1.62	61.43	28.82	66.30	17.19
Ve	3.09	2.81	49.27	50.21	69.76	49.47
Vf	5.02	4.44	110.70	79.04	136.06	66.67
h ² g	0.38+- 0.22	0.36+- 0.22	0.55+- 0.27	0.36+- 0.22	0.48+- 0.25	0.25+-0.18
h2mc	0.65	0.63	0.78	0.63	0.74	0.51
Acclon	0.80	0.79	0.88	0.79	0.86	0.71
CVgi%	4.41	4.02	19.45	12.50	4.91	2.44
CVe%	5.59	5.30	17.42	16.49	5.04	4.15
CVr	0.78	0.75	1.11	0.75	0.97	0.58
PEV	0.67	0.59	12.95	10.58	17.21	8.41
SEP	0.82	0.77	3.59	3.25	4.14	2.90
Média	31.43	31.65	40.28	42.95	165.60	169.43

Vg:

geral

Variância genotípica; Ve: Variância residual (Ambiental); Vf: Variância fenotípica individual; h²g: Herdabilidade individual; h2mc: Herdabilidade média; Acclon: Acurácia da seleção de clone; CVgi%: Coeficiente de variância genotípica; CVe%: Coeficiente variação residual; CVr: Coeficiente de variação relativa; PEV: Variância do erro de predição dos valores genotípicos; SEP: Desvio padrão do valor genotípico predito.

Desta forma, a seleção individual carregaria consigo excelente controle genético, garantindo, a nível de indivíduo, ganhos genéticos significativos e excelentes possibilidades para seleção.

A acurácia (Acclom) representa a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material analisado e o valor genético predito (Resende, 2002; MAIA *et al.*, 2014). Valores de acurácia entre 0 e 25% são considerados baixos, entre 25 e 75% são bons (intermediários) e acima de 75% são ótimos (Resende, 2000). Na Tabela 13 observa-se que todas as variáveis apresentaram valores de acurácia (Acclom) com magnitude de média a alta, todos acima de 71%.

Em trabalhos desenvolvidos com plantas de propagação assexuada, as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, apresentaram magnitudes próximas das encontradas neste estudo, para Cana-de-açúcar (Oliveira *et al.*, 2011); Batata, (Silva *et al.*, 2014) couve (Azevedo *et al.*, 2016)

Os coeficientes de variação genética individual (CVgi%), que expressam em percentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, revelaram valores expressivos para o caractere área foliar com valores em magnitudes nos ciclos 1 e 2, respectivamente (19,45% e 12,50%) condizentes àqueles obtidos por COSTA *et al.* (2005). Esses resultados revelam que a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético de espinafre-da-Amazônia. O ganho genético é esperado aplicando-se procedimento adequado de seleção. Pelos dados obtidos sugere-se que, nas próximas seleções, poderá haver maior expressão da variação genética.

Observa-se, pelos dados da tabela 14, que o clone 12 ficou em primeiro lugar no ordenamento para o caractere altura de planta, no ciclo 1 com efeito genotípico de magnitude 3,06, valor genotípico predito de 34, 49. Possuindo um ganho de 8,87%. No ciclo 2 o clone 12, obteve efeito genotípico de 2,83 e valor genotípico predito de 34,49, com o ganho na ordem de 8,20%. Consta-se que no ordenamento dos clones a partir da ordem 9, os clones apresentaram valores negativos. Os sinais negativos correspondem que não houve efeito genotípico.

Tabela 14 - Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias para altura de planta (AP) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.

Altura de Planta AP)						Altura de Planta (AP)					
CICLO 1						CICLO 2					
Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	G	u+g	Ganho	Nova Média
1	12	3,06	34,49	3,06	34,49	1	12	2,83	34,49	2,83	34,49
2	11	1,58	33,01	2,32	33,75	2	11	1,40	33,05	2,11	33,77
3	10	1,15	32,58	1,93	33,36	3	10	0,97	32,63	1,73	33,39
4	6	1,06	32,50	1,71	33,15	4	6	0,89	32,55	1,52	33,18
5	18	0,82	32,25	1,53	32,97	5	18	0,66	32,31	1,35	33,01
6	5	0,66	32,09	1,39	32,82	6	5	0,50	32,16	1,21	32,86
7	14	0,53	31,96	1,26	32,70	7	14	0,37	32,03	1,09	32,74
8	13	0,01	31,44	1,11	32,54	8	1	0,11	31,76	0,97	32,62
9	19	-0,36	31,06	0,94	32,38	9	13	-0,12	31,52	0,84	32,50
10	20	-0,38	31,04	0,81	32,24	10	9	-0,21	31,43	0,74	32,39
11	4	-0,44	30,98	0,69	32,13	11	3	-0,27	31,38	0,64	32,30
12	3	-0,47	30,95	0,60	32,03	12	7	-0,39	31,26	0,56	32,21
13	9	-0,55	30,88	0,51	31,94	13	19	-0,50	31,15	0,48	32,13
14	2	-0,61	30,82	0,43	31,86	14	20	-0,51	31,14	0,40	32,06
15	7	-0,61	30,82	0,36	31,79	15	4	-0,57	31,07	0,34	32,00
16	1	-0,63	30,79	0,300	31,73	16	8	-0,64	31,01	0,28	31,93
17	8	-0,92	30,51	0,22	31,66	17	2	-0,73	30,92	0,22	31,87
18	16	-1,09	30,34	0,15	31,58	18	17	-1,12	30,52	0,14	31,80
19	15	-1,34	30,08	0,07	31,50	19	16	-1,20	30,45	0,07	31,73
20	17	-1,45	29,98	0,00	31,43	20	15	-1,45	30,20	0,00	31,65

Observa-se, pelos dados da tabela 15, que o clone 12 ficou em primeiro lugar no ordenamento para área foliar, nos dois ciclos de seleção com efeito genotípico no primeiro ciclo e segundo ciclo, respectivamente 13,40 e 8,87. No primeiro ciclo o valor genotípico predito de 56, 69 e com ganho na ordem de 24,95 %. No segundo ciclo de seleção o valor genotípico predito de 51, 82 e com ganho na ordem de 17,11 %.

Área foliar é fundamental dentro melhoramento genético do espinafre-da-Amazônia, pois influencia diretamente na composição do produto que será vendido ao consumidor, sendo um caractere importante. Relevância confirmada em estudos em outras hortaliças folhosas como alface (Candido *et.al.*, 2018) , couve (Azevedo *et. al.*, 2016).

Tabela 15- Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias para área foliar (AF) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazonia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.

Área foliar (AF)						Área foliar (AF)					
CICLO 1						CICLO 2					
Ordem	Clone	g	utg	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	utg	Ganho	Nova Média
1	12	13,40	53,69	13,40	53,69	1	12	8,87	51,82	8,87	51,82
2	4	12,01	52,30	12,71	52,99	2	4	6,63	49,58	7,75	50,70
3	3	8,81	49,09	11,41	51,69	3	3	5,30	48,25	6,93	49,88
4	6	7,61	47,90	10,46	50,74	4	18	4,54	47,49	6,33	49,28
5	13	7,00	47,29	9,77	50,05	5	13	4,38	47,33	5,94	48,89
6	18	5,99	46,28	9,14	49,42	6	6	4,35	47,30	5,68	48,63
7	20	2,91	43,19	8,25	48,53	7	15	2,91	45,86	5,28	48,23
8	19	0,69	40,98	7,30	47,59	8	19	0,10	43,05	4,63	47,58
9	2	-0,19	40,09	6,47	46,75	9	9	-0,97	41,97	4,01	46,96
10	9	-1,19	39,08	5,70	45,99	10	2	-1,48	41,46	3,46	46,41
11	14	-2,08	38,20	4,99	45,28	11	1	-2,01	40,93	2,96	45,91
12	10	-3,46	36,81	4,29	44,57	12	20	-2,60	40,34	2,50	45,45
13	17	-4,67	35,61	3,60	43,88	13	17	-2,83	40,11	2,09	45,04
14	1	-4,75	35,53	3,00	43,29	14	11	-3,35	39,59	1,70	44,65
15	11	-5,30	34,97	2,45	42,73	15	7	-3,60	39,34	1,34	44,29
16	16	-6,01	34,26	1,92	42,20	16	14	-3,93	39,01	1,01	43,96
17	15	-6,07	34,21	1,45	41,73	17	16	-3,96	38,98	0,72	43,67
18	7	-8,08	32,20	0,92	41,20	18	5	-3,99	38,95	0,46	43,41
19	5	-8,18	32,10	0,44	40,72	19	8	-4,14	38,80	0,22	43,17
20	8	-8,45	31,83	0,00	40,28	20	10	-4,18	38,76	0,00	42,95

Observa-se, pelos dados da tabela 16, que o clone 12 ficou em primeiro lugar no ordenamento para massa fresca da parte aérea, nos dois ciclos de seleção com efeito genotípico no primeiro ciclo e segundo ciclo, respectivamente 10,25 e 6,03. No primeiro ciclo o valor genotípico predito de 176,55 e com ganho na ordem de 6,20 %. No segundo ciclo de seleção o valor genotípico predito de 175,47 e com ganho na ordem de 3,43 %.

Tabela 16 - Ordem, Clone, efeito genotípico, valores genotípicos preditos, ganho e novas médias, para massa fresca da parte aérea (MFPA) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.

Massa Fresca Parte Aérea (MFPA)						Massa Fresca Parte Aérea (MFPA)					
CICLO 1						CICLO 2					
Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média	Ordem	Clone	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	12	10,95	176,55	10,95	176,55	1	12	6,03	175,47	6,03	175,47
2	4	9,74	175,34	10,34	175,95	2	4	4,88	174,31	5,45	174,89
3	6	9,17	174,78	9,95	175,56	3	3	3,50	172,93	4,80	174,24
4	3	7,88	173,49	9,43	175,04	4	6	2,98	172,42	4,35	173,78
5	13	7,28	172,89	9,00	174,61	5	13	2,31	171,75	3,94	173,38
6	18	6,37	171,98	8,56	174,17	6	15	2,24	171,68	3,66	173,09
7	20	5,00	170,61	8,06	173,66	7	18	2,11	170,51	3,43	172,87
8	19	2,02	167,63	7,30	172,91	8	19	1,07	169,03	3,14	172,58
9	14	1,61	167,22	6,67	172,28	9	14	-0,40	168,81	2,75	172,18
10	17	-0,03	165,57	6,00	171,61	10	8	-0,62	168,69	2,41	171,85
11	10	-0,97	164,63	5,36	170,97	11	17	-0,74	168,27	2,12	171,56
12	2	-2,95	162,65	4,67	170,28	12	20	-1,16	168,07	1,85	171,28
13	11	-3,49	162,11	4,04	169,65	13	7	-1,36	168,74	1,60	171,04
14	9	-4,08	161,52	3,46	169,07	14	10	-1,68	167,74	1,36	170,80
15	1	-5,42	160,18	2,87	168,48	15	1	-2,74	166,68	1,09	170,53
16	16	-6,48	159,11	2,28	167,89	16	16	-2,85	166,58	0,84	170,28
17	5	-8,66	156,94	1,64	167,25	17	2	-2,91	166,52	0,62	170,06
18	15	-8,86	156,74	1,06	166,66	18	9	-3,37	166,06	0,40	169,84
19	7	-9,46	156,14	0,50	166,11	19	11	-3,47	165,96	0,19	169,63
20	8	-9,61	155,99	0,00	165,60	20	5	-3,79	165,64	0,00	169,43

A acurácia seletiva é o parâmetro estatístico mais relevante para determinação da qualidade experimental e dos valores genotípicos previstos (RESENDE; ALVES, 2020; RESENDE; ALVES, 2022). Este parâmetro reflete a quantidade e qualidade das informações e procedimentos utilizados na predição de valores genéticos e depende da herdabilidade e repetibilidade da característica analisada (RESENDE; DUARTE, 2007). Na tabela 17 são apresentados os valores de acurácia seletiva para os caracteres AP, AF e MFPA, em dois ciclos de seleção.

Tabela 17 – Acurácia seletiva, para os caracteres Altura de planta (AP), área foliar (AF), massa fresca da parte aérea (MFPA) dos 20 Clones de espinafre-da-Amazônia, em 2 ciclos, Rio Branco - Ac, 2021.

AP				AF				MFPA			
Ciclo 1		Ciclo 2		Ciclo 1		Ciclo 2		Ciclo 1		Ciclo 2	
Clone	Acurácia										
12	0,78	12	0,77	12	0,86	12	0,74	12	0,83	12	0,69
11	0,78	11	0,77	4	0,86	4	0,74	4	0,83	4	0,69
10	0,78	10	0,77	6	0,86	6	0,74	6	0,83	3	0,69
6	0,78	6	0,77	3	0,86	3	0,74	3	0,83	6	0,69
18	0,78	18	0,77	13	0,86	13	0,74	13	0,83	13	0,69
5	0,78	5	0,77	18	0,86	18	0,74	18	0,83	15	0,69
14	0,78	14	0,77	20	0,86	15	0,74	20	0,83	18	0,69
13	0,78	1	0,77	19	0,86	20	0,74	19	0,83	19	0,69
19	0,78	13	0,77	14	0,86	19	0,74	14	0,83	14	0,69
20	0,78	9	0,77	2	0,86	17	0,74	17	0,83	8	0,69
4	0,78	3	0,77	9	0,86	5	0,74	10	0,83	17	0,69
3	0,78	7	0,77	10	0,86	11	0,74	2	0,83	20	0,69
9	0,78	19	0,77	17	0,86	1	0,74	11	0,83	7	0,69
2	0,78	20	0,77	1	0,86	8	0,74	9	0,83	10	0,69
7	0,78	4	0,77	11	0,86	9	0,74	1	0,83	1	0,69
1	0,78	8	0,77	15	0,86	7	0,74	16	0,83	16	0,69
8	0,78	2	0,77	16	0,86	14	0,74	5	0,83	2	0,69
16	0,78	17	0,77	5	0,86	2	0,74	15	0,83	9	0,69
15	0,78	16	0,77	7	0,86	16	0,74	7	0,83	11	0,69
17	0,78	15	0,77	8	0,86	10	0,74	8	0,83	5	0,69

A acurácia seletiva mensura o quanto o valor genético predito é similar ao valor genético real dos genótipos. Esse parâmetro é influenciado pelo número de repetições, pela variância residual e ainda pela proporção entre a variância residual e variância genética, recomendado é valores acima de 0,70 para a seleção (Resende e Alves, 2020)

A acurácia seletiva possui a propriedade de informar sobre o correto ordenamento dos genótipos em avaliação, tornando-se relevante na avaliação da qualidade de um experimento. A magnitude dos valores de acurácia seletiva apresentados para os caracteres AP, AF e MFPA nos dois ciclos de seleção, variando de 0,69 a 0,86, classificadas como moderada a alta, conforme Resende e Duarte (2007; RESENDE; ALVES, 2022).

Conclusões

Os valores dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados, indicam excelente possibilidade para seleção clonal individual de genótipos utilizando a metodologia REML/BLUP.

De acordo com as análises realizadas, o clone 20, se destacou em todos os caracteres avaliados, como o mais promissor para a seleção clonal Individual, apresentando grande potencial como genitor, para o desenvolvimento de novas cultivares de espinafre-da-Amazônia.

Referências

- AGRITEMPO. 2018. Sistema de monitoramento agrometeorológico. **Dados meteorológicos:** Acre. Disponível <<http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumário?uf=AC>>. Acesso 15 maio 2019.
- AZEVEDO A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, J. R. S. Estudo da repetibilidade genética em clones de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 1, p. 054-058, jan./ mar. 2016.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 529 p., 2013.
- CANDIDO, W. S.; SOARES, R. S.; FRANCO, C. A.; DINIZ, G. M. M.; SILVA, E. H. C.; MARIN, M. V.; BRAZ, L. T. Stability and adaptability of curled green-leaf lettuce lines using the REML/Blup mixed model. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.52, n.3, p.298-306, Mar. 2018.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V. de; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W, J. Avaliação genética dentro de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v.15, p.371-376, 2005.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. 3rd Edition, Editora UFV, Viçosa. 2004, 480 p.
- CRUZ, KS. Análise físico-química de espinafre-amazônico (*Alternanthera sessilis* L.) sob diferentes doses de nitrogênio. Rio Branco: Universidade Federal do Acre. 36 f. (Monografia de Graduação em Ciências Agrárias). 2018.
- EMBRAPA. **Como plantar hortaliças. – Brasília, DF : . : il. – (ABC da Agricultura Familiar, 3)**. Embrapa Informação Tecnológica, 2006. 27 p
- FERREIRA, P. V. Melhoramento de Plantas, métodos de melhoramento. Maceió, EDUFAL, 2006. 475 p.
- FERREIRA, A. B.; CRUZ, K. S.; NASCIMENTOS, M. M.; LIMA, M. S.; TORRES, N. S.; ARAGÃO JUNIOR, A. C. Physicochemical analysis of brazilian spinach grown líder doses of urea. **Scientia Agraria Paranaensis**, Marechal Cândido Rondon, v. 20, n. 4, oct./dec., p. 365-370, 2021. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/28202>. Acesso em: 15 set. 2023.
- KINUPP, V. F.; LORENZI, H. **Plantas alimentícias não convencionais (PANC) no Brasil:** guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora. 2014.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; SOUZA, T. R.; LUCIUS, A. S. F. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p.796-800, 2011.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; RIGHETTO, G. U. Interação de cultivares de feijão por épocas de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 10, p. 1183-1189, 1993.

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

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 22(3): e42712238, 2022

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, Generalized, Hierarchical, Bayesian and Random Regression Mixed Models in Genetics/Genomics in Plant Breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, n. 2, p. 121-152, 2020.

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

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

SILVA, G. O.; NEY, V. G.; PEREIRA, A. S.; TERRES, L. R. Relações entre caracteres de tubérculo de batata nas primeiras gerações de seleção. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n.3, p. 370-376, mai/jun, 2014.

SILVA, P. H. M. **Sistemas de propagação de mudas de essências florestais**. IPEF: Piracicaba, SP. 2005.

6 CONCLUSÕES FINAIS

Em conclusão, os resultados gerais desta tese destacam a presença de uma considerável diversidade genética entre os genótipos de espinafre-da-Amazônia. Os grupos formados por diferentes métodos de agrupamento oferecem combinações promissoras para o desenvolvimento de novas cultivares com características desejáveis para a cultura. Os genótipos 7 (AM-7) e 16 (AP-1) se destacam devido ao seu desempenho superior em características-chave, como altura da planta, massa fresca da parte aérea e área foliar, ressaltando sua divergência genética e potencial como candidatos para a criação de genótipos superiores.

Além disso, com base nas estimativas dos parâmetros genéticos para os genótipos de espinafre-da-Amazônia, esta pesquisa demonstra uma situação altamente favorável para a seleção, com o método REML/BLUP mostrando-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos. Entre os genótipos, o clone 7 se destaca como a escolha mais promissora, conforme indicado pelos valores genotípicos previstos (g) para várias características desejáveis. Portanto, para fins de seleção, o clone 7 é a principal opção, exibindo um potencial significativo para o desenvolvimento de variedades superiores de espinafre-da-Amazônia.

Os valores dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados, indicam excelente possibilidade para seleção clonal individual de genótipos utilizando a metodologia REML/BLUP.

De acordo com as análises realizadas, o clone 20, se destacou em todos os caracteres avaliados, como o mais promissor para a seleção clonal Individual, apresentando grande potencial para o desenvolvimento de novas cultivares de espinafre-da-Amazônia

Anexo



Banco de germoplasma de Espinafre-da-Amazônia.





Preparo do solo para o plantio de espinafre-da-Amazônia





Plantio heterogêneo

