

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE AMENDOIM COM BASE
EM DESCRITORES FENOTÍPICOS**

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA

CAMPINA GRANDE, PB

FEVEREIRO, 2015

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE AMENDOIM COM BASE
EM DESCRITORES FENOTÍPICOS**

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Melhoramento Vegetal

Orientadora: Prof^ª. Dr^ª. Roseane Cavalcanti dos Santos

Coorientadores: Prof^ª. Dr^ª. Liziane Maria de Lima

Dr^º. Jose Jaime Vasconcelos Cavalcanti

CAMPINA GRANDE, PB

FEVEREIRO, 2015

É expressamente proibida a comercialização deste documento, tanto na forma impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que na reprodução figure a identificação do autor, título, instituição e ano da dissertação.

R175d Ramos, Jean Pierre Cordeiro.
Divergência genética em acessos de amendoim com base em descritores fenotípicos [manuscrito] / Jean Pierre Cordeiro Ramos. - 2015.
37 p. : il. nao

Digitado.
Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias) - Universidade Estadual da Paraíba, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa, 2015.
"Orientação: Profa. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa".
"Co-Orientação: Profa. Dra. Liziane Maria de Lima, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa".
1. Arachis hypogaea L. 2. Métodos de agrupamento. 3. Banco de germoplasma. 4. Genética vegetal. I. Título.
21. ed. CDD 631.523

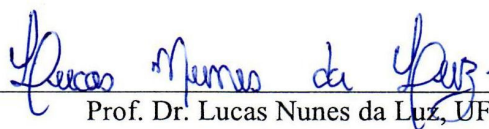
**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE AMENDOIM COM BASE EM
DESCRITORES FENOTÍPICOS**

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

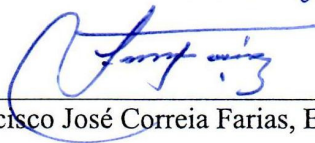
Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção de título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Melhoramento Vegetal

Aprovado em 12 de fevereiro de 2015

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Lucas Nunes da Luz, UFCA



Prof. Dr. Francisco José Correia Farias, Embrapa Algodão



Dra. Liziane Maria de Lima, Embrapa Algodão
Coorientadora



Prof. Roseane Cavalcanti dos Santos, Embrapa Algodão
Orientadora

A Deus por todas as oportunidades e a meus pais, por tudo

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- A Dr^a Roseane Cavalcanti dos Santos, pela orientação, confiança e ensinamentos;
- Aos Drs. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti e Liziane Maria de Lima, pela ajuda e atenção dispensada no decorrer do Curso e na condução dos trabalhos;
- Aos Professores Drs. Alberto Soares de Melo, Carlos Henrique Salvino Gadelha Meneses, José Germano Véras Neto, Josemir Moura Maia, Paulo Ivan Fernandes Júnior e Pedro Dantas Fernandes pelos ensinamentos no decorrer do curso;
- Ao Prof. Dr. Péricles de Albuquerque Melo Filho, da UFRPE, pela receptividade e disponibilização da infraestrutura da UFRPE para realização das atividades experimentais;
- Ao Dr. Prof. Lucas Nunes, da UFCA, pela valiosa colaboração nas análises estatísticas;
- A Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Ensino Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;
- Aos funcionários da Embrapa Algodão pela atenção, ajuda e companheirismo;
- Aos amigos e colegas da Pós-graduação que contribuíram, de forma direta ou indireta, para realização desse trabalho;
- A todos os meus familiares (em especial Déborah Karollyne Ribeiro Ramos) pela força, atenção e companheirismo nos momentos mais difíceis.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO -----	12
1.1 Objetivo Geral -----	13
1.2 Objetivos Especificos -----	13
2 REVISÃO DE LITERATURA -----	14
2.1 Aspectos botânicos do amendoim -----	14
2.2 Banco de germoplasma de amendoim -----	15
2.3 Métodos multivariados úteis para caracterização de germoplasma -----	16
3. MATERIAL E MÉTODOS -----	20
3.1 Recursos genéticos e condução experimental -----	20
3.2 Análise de divergência genética e técnicas de agrupamento -----	23
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO -----	26
5. CONCLUSÕES -----	32
REFERÊNCIAS -----	33

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Dados de passaporte e descritores da população em fase de pré-melhoramento de amendoim da subespécie <i>fastigiata</i> .	22
Tabela 2. Agrupamento dos 77 genótipos de amendoim pelo método de Tocher.	27
Tabela 3. Componentes principais e suas respectivas importâncias relativas (Raiz) e acumuladas (% Acumulada) para os 9 descritores quantitativos avaliados nos 77 acessos.	30

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade dos 77 genótipos de amendoim da subespécie *fastigiata*. Coeficiente de correlação cofenética 0,829. 29
- Figura 2.** Dispersão gráfica para 77 acessos de amendoim em relação ao primeiro e segundo componente principal, estabelecido pela combinação linear de dezenove características morfoagronômicas. 32

RESUMO

RAMOS, JEAN PIERRE CORDEIRO. M. Sc.; Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão; Fevereiro de 2015; Divergência genética em acessos de amendoim com base em descritores fenotípicos; Roseane Cavalcante dos Santos (Orientadora); José Jaime Vasconcelos Cavalcanti (Coorientador); Liziane Maria de Lima (Coorientadora).

Os programas de melhoramento do amendoim se baseiam na introdução ou disponibilização de variabilidade genética, seguidos de seleção de linhagens que apresentem descritores responsivos pelo desempenho das plantas nos aspectos nutricionais, fisiológicos e agronômicos. Técnicas de análise multivariada têm sido frequentemente utilizadas para estimar as interrelações entre genótipos, baseando-se em vários descritores com intuito de indicar quais genótipos são mais promissores para serem inseridos em programas de melhoramento. Objetivou-se, com este trabalho, proceder a uma análise da diversidade genética entre genótipos de amendoim baseando-se em diferentes métodos de agrupamento, visando seleção de genitores para os mercados de óleo e alimento. Foram utilizados 77 genótipos na fase de pré-melhoramento de amendoim da subespécie *fastigiata*, contendo as variedades *fastigiata* e *vulgaris*, da coleção de amendoim da Embrapa Algodão. A unidade experimental foi constituída por uma fileira de 5 m contendo 50 plantas, num espaçamento 0,7 m X 0,2 m. Foram avaliadas as seguintes variáveis: peso das vagens/planta, peso das sementes/planta, número de vagens/planta, número de sementes/vagem, peso de 100 vagens, peso de 100 sementes, teor de óleo nas sementes, comprimento da vagem, índice de colheita, peso seco total da planta, altura da haste principal, pilosidade, cor da haste principal, hábito de crescimento, cor das sementes, cor dos folíolos, inflorescência na haste principal, início da floração e Maturação completa da vagem. Três métodos de agrupamentos foram selecionados para análise da divergência: Tocher, UPGMA e componentes principais. As três metodologias usadas, em conjunto, mostraram-se concordantes na formação dos grupos estabelecidos, revelando combinações interessantes para serem usadas em programas de

melhoramento visando obtenção de linhagens com tolerância ao ambiente semiárido e com padrão de sementes voltados para o mercado de alimentos.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L., Métodos de agrupamento; Banco de germoplasma; Genética vegetal.

ABSTRACT

The peanut breeding programs are based on introducing or disponibilization of genetic variability by crossing, with further selection of lines showing robust descriptors as to agronomical, nutritional and physiological aspects. The multivariate analysis methodologies have been often used to estimating the inter-relationship between genotypes, based in several descriptors in order to indicate group of promising materials for further use in breeding programs. The objective of this study was to estimate the genetic diversity among peanut genotypes based on three clustering methodology, in order to selecting parents for oil and food markets. A germplasm collection containing 77 genotypes of peanut (var. *fastigiata* and *vulgaris*) was planted in field, using plots consisted of 5m-rows, in a spacing 0.7 m X 0.2 m. The following variables were evaluated: height of main stem, total dry weight of plant, weight of pods/plant, seed weight/plant, number of pods/ plant, number of seeds/pod, weight of 100 pods, weight of 100 seeds, percent of oil in seeds, pod length, harvest index, hairiness, color of the main stem, growth habit, color seed, color of leaves, inflorescence on the main stem, early flowering and Full maturation of pods. Three clustering methods were selected for divergence analysis: Tocher, UPGMA and principal components.. It was found that the three methodologies, when used together, were consistent in group establishing, revealing interesting combinations for further use in breeding programs, aiming generation of drought tolerant lines and indicated to food market.

Key words: *Arachis hypogaea* L.; Grouping methods; Germplasm bank; plant genetics.

1. INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma leguminosa com importância econômica mundial e responde pela posição de quinta oleaginosa mais produzida, apresentando nos últimos cinco anos uma produção em torno de 39 milhões de toneladas de grãos por safra, onde os principais responsáveis por esse desempenho são países como a China, Índia, Argentina, Estados Unidos, Nigéria e Indonésia (USDA, 2014).

No Brasil, a produção de grãos situa-se em 350 mil t.ano⁻¹, sendo a região Sudeste responsável por aproximadamente 92% do total. As regiões Sul, Centro-Oeste e Nordeste respondem por aproximadamente 5% da produção, cuja lavoura é conduzida, na maioria, por pequenos agricultores de base familiar (CONAB, 2014).

Com exceção do Nordeste, a produtividade do amendoim gira em torno de 3 mil kg.ha⁻¹, considerada satisfatória, sendo consequência de manejos mais apropriados, a lavoura além de adoção de cultivares comerciais. No Nordeste, com exceção da Bahia, a produtividade é baixa, entre 0,8 a 1,2 t.ha⁻¹. Nesta região é comum a reutilização de sementes de cultivos anteriores, geralmente de baixo vigor e características germinativas (SANTOS et al., 2013).

Visando mudar esse quadro, a Embrapa Algodão desde 1986 coordena um programa de melhoramento voltado para a região, com o objetivo de desenvolver cultivares de elevado valor agrônomico, agregando precocidade, alta produção de vagens, tolerância a doenças e ao meio ambiente semiárido (SANTOS et al., 2013). Um grande fomentador desse programa é a coleção de germoplasma, que detém atualmente cerca de 100 acessos, oriundos de várias partes do mundo, contendo variabilidade suficiente para alimentar as atividades de melhoramento, por meio de pré-melhoramento ou hibridação. Por se tratar de uma coleção, contudo, o conhecimento prévio dos descritores que compõem os acessos é imprescindível para que os mesmos possam ser devidamente caracterizados e, posteriormente, utilizados nos programas.

Na maioria das coleções de germoplasma, é frequente a adoção de descritores morfológicos e agrônomicos para caracterizá-las. Quanto maior o número de descritores adotados, maior é a segurança para atestar a similaridade ou dissimilaridade entre os acessos.

Dessa forma, descritores fisiológicos, bioquímicos, nutricionais e também moleculares são cada vez mais adotados por curadores. É em função dessas análises que o melhorista poderá nortear para qual tendência de mercado o programa será destinado (CRUZ et al., 2012).

As análises univariadas convencionais são largamente utilizadas para estimar a variação existente nas coleções. Há, contudo, limitação nas estimativas em função do número de acessos avaliados. Para coleções compostas de mais de 50 acessos, os métodos multivariados são mais recomendados porque permitem análise de todo grupo de forma mais holística e confiável. Na literatura, a exploração da diversidade genética por métodos multivariados, em coleções de germoplasma e em populações melhoradas tem sido largamente reportada, inclusive em amendoim (LUZ et al., 2014; MAKINDE e ARIYO, 2013; AJAY et al., 2012; KUMAR et al., 2010; MAKINDE e ARIYO, 2010; GRANJA et al., 2009).

Os métodos multivariados baseiam-se na interpretação simultânea das características obtidas para mais de um genótipo. Várias metodologias estão disponíveis para estimar a similaridade genética entre acessos. Dentre os mais utilizados, citam-se os componentes principais, variáveis canônicas, método de otimização de Tocher e os métodos hierárquicos (CRUZ et al., 2012).

Neste trabalho, adotou-se os métodos de otimização de Tocher, componentes principais e hierárquico UPGMA para estimar a similaridade genética entre 77 acessos de amendoim de porte ereto, baseando-se em descritores fenotípicos com fins de posteriormente indicar os promissores para gerar populações divergentes em trabalhos de hibridação.

1.1 Objetivo Geral

Proceder uma análise da diversidade genética entre 77 genótipos pré-melhorados de amendoim (subsp. *fastigiata*) baseando-se em diferentes métodos de agrupamento, visando seleção de genitores para os mercados de óleo e alimento.

1.2 Objetivos Específicos

Caracterizar genótipos de amendoim com base em descritores agronômicos, morfológicos e fisiológicos;

Selecionar progenitores com características promissoras voltadas para o mercado de alimento.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos botânicos do amendoim

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma leguminosa com distribuição natural em países como Brasil, Bolívia, Paraguai, Argentina e Uruguai (KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994; VALLS e SIMPSON, 2005). Trata-se de uma dicotiledônea que pertence à família Leguminosae, subfamília Faboideae, gênero *Arachis*, seção *Axonomorphae*, série Amphiploides (NOGUEIRA et al., 2013).

O gênero é composto por aproximadamente 80 espécies, sendo *A. hypogaea* a de maior valor comercial, que se subdivide nas subespécies *hypogaea* e *fastigiata* (VALLS, 2013). A subespécie *hypogaea*, abrange os acessos do grupo Virgínia e apresenta como características principais o ciclo longo, entre 120 e 140 dias, ausência de flores na haste principal e ramificações vegetativas ou reprodutivas alternadas nos ramos primários, frutos com uma ou duas sementes e retículo do pericarpo bastante marcado. A subespécie *fastigiata* é composta de duas variedades, ambas de porte ereto, denominadas *vulgaris* e *fastigiata*. Os acessos *vulgaris* apresentam ramificações vegetativas e reprodutivas desordenadas ao longo dos ramos principais e com frutos bisseminados, representados pelo tipo botânico Spanish. Os acessos da variedade *fastigiata*, com vagens contendo entre 2 a 6 sementes, são representados pelo tipo agrícola Valência (VALLS, 2013).

A planta do amendoim é herbácea de crescimento indeterminado, apresenta hábito de crescimento ereto ou rasteiro, com altura variando entre 12 cm e 60 cm, dependendo do tipo botânico. As flores são agrupadas em inflorescências, as quais, após fertilizadas, favorece o desenvolvimento do ginóforo, que é uma estrutura fibrosa dotada de geotropismo positivo, que carrega os embriões na extremidade. Após penetração no solo, se inicia o desenvolvimento horizontal da vagem, que ocorre na ausência de luz (SANTOS et al., 2013).

Plantas da espécie *Arachis hypogaea* L. se reproduzem quase que exclusivamente por autogamia, com baixa taxa de polinização cruzada (SANTOS et al., 2013). A dispersão das

sementes é bastante restrita, não ultrapassando 1 m de distância da planta matriz, podendo ser transportada pela água em períodos de cheias ou via animais (KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994; VALLS e SIMPSON, 2005).

De acordo com o exposto na monografia de Krapovickas e Gregory (1994), o gênero *Arachis* teve sua provável origem na Serra de Amambay, fronteira do Brasil (Mato Grosso) e Paraguai a cerca de 4000 anos, tempo necessário para dispersão das espécies por toda América do Sul. A maioria das espécies é diploide, com número de cromossomos igual a $2n=20$. Há apenas quatro espécies diplóides com $2n=18$ cromossomos. A espécie *A. hypogaea* é tetraploide com $2n=4x=40$ (VALLS, 2013).

A provável origem da espécie *A. hypogaea* parece estar ligada ao cruzamento entre duas espécies silvestres diplóides, provavelmente *A. duranensis* e *A. ipaensis*, gerando uma espécie estéril a qual teve seu número de cromossomos duplicados, retomando assim seu potencial reprodutivo (KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994; VALLS, 2013).

2.2 Banco de germoplasma de amendoim

No Brasil as atividades relacionadas à manutenção e disponibilidade de recursos genéticos se baseiam em três níveis: a) coleção de trabalho – que dispõe de uma variabilidade genética restrita; b) coleção ativa – que está relacionada à atividades com material que apresentam características exigidas pelo mercado atual e c) coleção de base – a qual procura manter a representatividade da variação total do amendoim, assegurando atender as necessidade atuais e futuras do melhoramento (WETZEL et al., 2005). Há dois grandes Bancos de germoplasma de amendoim no Brasil, um gerenciado pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), que teve início em 1979 a partir de materiais pertencentes a uma coleção de espécies oleaginosas que existia no IAC desde a década de 1940 (VEIGA e VALLS, 1982) e o da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, responsável pela manutenção e documentação de aproximadamente 1000 acessos do gênero *Arachis* provenientes de várias localidades do mundo (WETZEL et al., 2005).

A partir do uso das coleções, várias cultivares foram desenvolvidas pelo IAC e pela Embrapa (SANTOS et al., 2013).

A Embrapa Algodão, uma unidade descentralizada da Embrapa, desenvolve pesquisas com oleaginosas e fibrosas desde meados da década de 70. Com a cultura do amendoim, as pesquisas foram iniciadas a partir de 1986, focalizando, principalmente na região Nordeste

(MELO FILHO e SANTOS, 2010). O objetivo principal do programa de melhoramento conduzido pela Embrapa Algodão é o desenvolvimento de cultivares precoces, produtivas, resistentes a pragas e doenças e adaptadas às condições semiáridas. Atualmente há quatro cultivares comerciais, registradas no Ministério de Agricultura, denominadas BR 1, BRS 151 L7, BRS Havana e BRS Pérola Branca, essa última, tendo como características ciclo curto, para a subespécie a qual pertence, entre 110 e 115 dias, é uma rasteira com altura da haste principal entre 18 cm e 25 cm, elevado teor de óleo nas sementes, entre 50% e 52% e vagens com três a quatro sementes (SANTOS et al., 2013).

Para que se conduza um programa de melhoramento, uma condição imprescindível é a disponibilização da coleção de germoplasma, porque é a partir dos acessos que a compõe que poderá se estimar a existência de variabilidade suficiente para atender as propostas do programa. Tal coleção deve estar bem caracterizada de modo a auxiliar o melhorista na seleção dos genótipos promissores para serem utilizados nas fases de pré-melhoramento ou para os trabalhos de hibridação.

A Embrapa Algodão possui uma coleção de germoplasma de amendoim composta de 98 acessos, dos quais 77 são da subespécie *fastigiata* e 21 da subespécie *hypogaea*. Essa coleção visa além de conservar os acessos, alimentar os trabalhos de melhoramento de modo a contribuir para a síntese de novas cultivares. Para tanto, torna-se necessário avaliações periódicas e caracterização dos acessos de modo a estimar sua diversidade para seleção de materiais pré-melhorados que servirão para alimentação dos trabalhos de melhoramento.

2.3 Métodos multivariados úteis para caracterização de germoplasma

A caracterização de germoplasma é um dos primeiros passos para aquisição do conhecimento do manancial de diversidade genética que compõe uma coleção. Por se tratar de uma tarefa laboriosa e extensiva, dependendo do tamanho da coleção, os descritores adotados devem ter peso suficiente para serem responsivos nos processos de caracterização. Descritores morfológicos, de fácil reconhecimento fenotípico e que tenham variantes quali ou quantitativas geralmente são contributivos na identificação dos acessos. Os descritores agrônômicos, embora mais robustos e contributivos, sofrem maior influência ambiental e, portanto, necessitam de repetibilidade (CRUZ et al., 2011).

Várias metodologias podem ser adotadas para estimar a diversidade genética entre acessos, quer sejam, por meio de inferência filogenética (quando se trabalha com espécies

diferentes), por divergência geográfica, por informação da genealogia (por meio do coeficiente de parentesco), por meio da capacidade específica de combinação, via cruzamentos dialélicos, por meio de processos preditivos, etc. (RESENDE, 2007; CRUZ et al., 2012).

Segundo Cruz (2006), o sucesso de um programa de melhoramento vegetal é consequência direta da existência de variabilidade na população de trabalho, sendo recomendado para o intercruzamento, indivíduos superiores e divergentes. O autor afirma ainda que a diversidade entre o grupo de acessos pode ser representada por meio de medidas de dissimilaridade, sendo as mais usuais a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, ambas para dados quantitativos, e por meio do algoritmo de Gower (1971), para a análise conjunta dos dados quantitativos e multicategóricos.

A distância Euclidiana (d) é matematicamente expressa pela raiz quadrada do somatório da diferença quadrática entre os valores dos caracteres avaliados entre dois indivíduos, existindo algumas variações da expressão matemática que visam contornar pontos limitantes da técnica, como por exemplo, os valores serem muito altos quando o número de variáveis é elevado, utilizando-se na prática a distância euclidiana média e a distância euclidiana média padronizada (RESENDE, 2007).

A distância generalizada de Mahalanobis (D^2) considera as correlações entre as variáveis, e é invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres, o que leva a ser bastante usada. O fator limitante é a necessidade de repetições das variáveis coletadas nos ensaios experimentais. As peculiaridades desse método dizem respeito a estrutura da covariância; se ela for idêntica, D^2 reduz-se à distância Euclidiana; diagonal, D^2 reduz-se a distância Euclidiana normalizada ou padronizada. A distância de Mahalanobis é correlacionada à estatística T^2 de Hotelling, sendo usada para comparação multivariada de médias (RESENDE, 2007).

Para caracteres qualitativos, e que não possam ser ordenados, a técnica de classes multicategóricas é bastante utilizada, atribuindo-se valores como critério de mensuração para cada caráter, quantificando assim a dissimilaridade por meio do índice de coincidência ou discordância entre as várias categorias (CRUZ, 2006). Gower (1971) propôs para a estimação da diversidade entre um conjunto de indivíduos a partir da análise conjunta de características quantitativas, qualitativas e multicategóricas um coeficiente geral de similaridade.

Dentre as técnicas de predição da divergência genética, citam-se as de agrupamentos, que reúne acessos baseando-se em algum critério que apresente similaridade no padrão de comportamento em relação a um conjunto de caracteres. Os grupos são estabelecidos desde que exista homogeneidade interna e heterogeneidade entre eles. Outro método adotado para predição

da diversidade genética, a dispersão gráfica, que tem por objetivo avaliar a similaridade em eixos cartesianos (CRUZ, 2006; RESENDE, 2007; CRUZ et al., 2012).

As técnicas de agrupamento são geralmente divididas em métodos hierárquicos e métodos mutuamente exclusivos. Nos métodos hierárquicos, o objetivo principal é a obtenção do dendograma onde se torna possível a formação de uma árvore de ramos conectados entre si, sendo um dos mais utilizados no melhoramento vegetal o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) que tem por base a ligação média não ponderada entre os grupos. Para os métodos mutuamente exclusivos há a formação de grupos distintos e que não são conectados entre si, sendo o mais usual o método de Tocher que toma como base o critério de que a média das medidas de distância dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (RESENDE, 2007; CRUZ et al., 2012).

No método de dispersão gráfica, a análise por componentes principais é uma das técnicas mais utilizadas e parte do princípio da transformação linear para a redução do conjunto de dados originais, sendo utilizado no melhoramento vegetal para vários fins, como, o agrupamento de acessos por meio da dispersão num plano bi ou tridimensional e para descarte de caracteres redundantes. A formação dos componentes principais se faz efetiva quando atendidas as seguintes propriedades: (i) serem funções lineares das v variáveis originais; (ii) serem não correlacionadas umas com as outras; (iii) explicarem sucessivamente o máximo de variação original (CRUZ, 2006; RESENDE, 2007).

Trabalhos que envolvem a análise da diversidade genética, que tomam por base técnicas de análise multivariada, têm oferecido contribuições efetivas na discriminação e indicação de prováveis genitores que possam vir ser utilizados em programas de melhoramento, além de possibilitar um maior conhecimento dos acessos pertencentes às coleções de germoplasma (SANTOS et al., 2000; TORRES FILHO, 2008).

Com amendoim, vários trabalhos têm sido conduzidos adotando-se metodologias multivariadas, os quais têm contribuído para nortear os trabalhos de seleção, abreviando a síntese de cultivares, para os vários setores de mercado. Yadav et al. (2014), ao estudar a variabilidade genética de 60 genótipos de amendoim com base em 14 características, com a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, obteve a formação de 12 grupos pelo método de Tocher, observando que o padrão de agrupamento foi independente da origem dos materiais. Safari et al. (2013) utilizaram-se da metodologia de análise de correlação canônica para estimar as relações entre características morfo-agronômicas da planta e a qualidade de óleo nas sementes de 39 genótipos. Segundo os autores, as correlações canônicas foram de alta magnitude e estatisticamente significativas, sendo as características, número de

vagens por planta, comprimento do grão, peso de 100 vagens, peso de 100 sementes e altura da planta, apropriadas para auxiliar na identificação de genótipos com as características do óleo desejáveis. Dessa forma, a metodologia adotada forneceu subsídios para estimar caracteres importantes da qualidade do óleo.

Em outro tipo de metodologia, Granja et al. (2009) adotaram a técnica de agrupamento UPGMA e a distância Euclidiana para estimar a similaridade genética em 29 linhagens intra-específicas de amendoim focalizando em 10 descritores e conseguiram separar os materiais em 5 grupos distintos, em função da variabilidade retida na população estudada. Com a técnica de componentes principais, Santos et al. (2000) estimaram a divergência genética entre 20 genótipos de diferentes grupos botânicos, baseando-se em 20 descritores agro-morfológicos e isoenzimáticos e concluíram que alguns descritores morfológicos e agrônômicos foram de grande peso na classificação dos materiais, tais como tipo botânico, pigmentação da haste principal, padrão de inflorescência, ponto de maturação das vagens e cor dos folíolos. Segundo os autores, a maior dispersão entre os acessos ocorreu entre os tipos Virgínia e Spanish.

Outras metodologias podem ser adotadas para análises de divergência genética com fins de auxiliar os trabalhos de melhoramento. Para que os resultados tornem-se mais fidedignos, a acumulação de descritores responsivos é muito recomendada, principalmente se houver variantes para o caráter que auxiliem na avaliação fenotípica. Os grupos formados, quer sejam de ampla divergência ou estreita, serão os norteadores que indicarão ao melhorista quais parentais deverão compor as futuras populações que alimentarão o programa de melhoramento.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Recursos genéticos e condução experimental

Uma coleção, composta de 77 genótipos na fase de pré-melhoramento de amendoim da subespécie *fastigiata*, contendo as variedades *fastigiata* e *vulgaris*, foi utilizada para o presente trabalho (Tabela 1). As sementes de cada material foram semeadas na área experimental da Embrapa Algodão, em Campina Grande, PB (7°13'50"S, 35°52'52"W, 551 m), no período de julho a novembro de 2014. A parcela foi constituída por uma fileira de 5 m, onde cada genótipo foi plantado no espaçamento de 0,70 m entre fileira e 0,20 m entre plantas, com 2 plantas/cova e densidade por parcela de 50 plantas. O solo, classificado como vertissolo de textura franco arenosa, foi previamente corrigido e fertilizado de acordo com recomendação sugerida pelo Laboratório de fertilidade de solo, da Embrapa Algodão, com as quantidades de 60 kg.ha⁻¹ de superfosfato simples, 20 Kg.ha⁻¹ de cloreto de potássio e 1,5 t.ha⁻¹ de calcário dolomítico. A fonte de nitrogênio foi suprida com esterco de curral curtido, na quantidade de 2 t.ha⁻¹.

Durante a estação de cultivo, foram registrados 567 mm de precipitação pluvial. O controle de ervas foi procedido por meio de herbicida registrado para a cultura, Plateau® (IMAZAPIQUE), numa proporção de 140 g.ha⁻¹, na fase de pré-emergência, seguido de capinas manuais até a fase de fechamento das copas das plantas (60 dias). Foi procedido controle de tripes (*Enneothrips flavens*) e mosca branca (*Bemisia argentifolii*) com uma aplicação de Actara 250 WG aos 35 dias após o plantio, na quantidade de 120 g.ha⁻¹. A colheita ocorreu no período entre 87 e 115 dias após a emergência, quando as plantas apresentaram 70% de vagens maduras, atingindo o ponto de maturação completa (BOLONHEZI, 2013).

Dezenove variáveis foram coletadas, tomadas em 30% das plantas de cada genótipo na parcela. Apenas para as variáveis peso das vagens e peso das sementes, os dados foram tomados em todas as 50 plantas na parcela. As variáveis coletadas foram: a) agronômicas: Peso das vagens (PSV), peso das sementes por planta (PSP), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por vagem (NSV), peso de 100 sementes (P100s), peso de cem vagens (P100v), teor de óleo nas sementes (TO), comprimento da vagem (CV), índice de colheita (IC) e peso seco

total (PST); b) morfológicos: altura da haste principal (AHP), pilosidade (Pilo), cor da haste principal (CorH), hábito de crescimento (HCres), cor das sementes (CorS), cor dos folíolos (CorF) e inflorescência na haste principal (InfH) e c) fisiológicos: emergência (Emer), início da floração (Flo) e maturação completa das vagens (Colh).

Tabela 1. Dados de passaporte e descritores da população em fase de pré-melhoramento de amendoim da subespécie *fastigiata*

Ordem	Acesso	Origem	TB	CS	C	AHP	P100S	O%
1	7339	Brasília, DF	1	1	1	18,20	42,24	44,75
2	7342	Brasília, DF	2	2	3	16,85	47,31	42,18
3	7352	Brasília, DF	1	1	1	27,75	30,84	44,53
4	33-1	EUA	2	2	1	18,80	52,28	41,48
5	SO 76	São Paulo, SP	2	2	1	27,50	53,29	42,65
6	SO 119	São Paulo, SP	1	3	1	32,45	39,50	42,95
7	SO 171	São Paulo, SP	2	2	1	24,40	40,66	42,13
8	SO 328	São Paulo, SP	2	2	1	25,90	50,01	41,68
9	SO 363	São Paulo, SP	1	1	1	30,25	39,06	42,70
10	SO 370	São Paulo, SP	2	2	1	27,50	36,97	43,15
11	SO 382	São Paulo, SP	1	1	1	34,35	38,65	44,38
12	SO 435	São Paulo, SP	2	2	1	27,30	40,96	42,88
13	SO 443	São Paulo, SP	2	2	1	28,10	41,95	43,63
14	SO 467	São Paulo, SP	2	2	1	23,90	38,33	43,55
15	SO 469	São Paulo, SP	2	2	1	25,70	50,07	45,40
16	SO 727	São Paulo, SP	1	2	1	20,00	47,72	42,80
17	SO 729	São Paulo, SP	1	1	1	27,35	44,14	44,58
18	SO 751	São Paulo, SP	1	3	3	20,00	37,36	43,08
19	SO 866	São Paulo, SP	2	2	1	22,70	55,22	42,33
20	US 408	EUA	1	1	1	28,80	44,05	44,63
21	US 414	EUA	1	1	2	34,50	40,34	45,48
22	PI 476061	EUA	1	1	2	21,95	35,09	43,68
23	OLEA 5161	São Paulo, SP	1	1	1	26,70	41,28	45,70
24	OLEA 5166	São Paulo, SP	1	1	1	29,25	44,23	45,30
25	OLEA 5168	São Paulo, SP	1	1	1	30,30	44,37	44,68
26	OLEA 5171	São Paulo, SP	1	1	1	33,55	43,13	44,55
27	OLEA 5171	São Paulo, SP	1	1	1	29,40	42,43	44,70
28	6299	Brasília, DF	1	1	1	29,40	40,59	43,30
29	SO 5397	São Paulo, SP	1	1	2	34,60	44,11	45,08
30	US 510	EUA	1	1	2	27,45	59,78	45,03
31	US 513	EUA	1	1	2	38,55	39,08	44,48
32	SO 57507	São Paulo, SP	2	3	2	31,20	43,28	42,70

Tabela 1. Cont.

33	SO 911	São Paulo, SP	2	3	1	21,50	43,88	43,35
34	6300	Brasília, DF	1	1	2	34,10	47,29	42,05
35	TIF RUST 14	Georgia, EUA	1	2	1	25,80	38,16	42,28
36	IPEAL 44	Salvador, Brasil	1	1	1	27,35	49,83	40,30
37	BR 1	Paraíba, PB	1	1	1	35,20	46,02	45,50
38	SO 832	Lavras, Brasil	2	2	1	19,40	49,97	43,18
39	32 AM	Gravatá, Brasil	1	1	2	31,70	46,82	39,80
40	57 422	Senegal, África	2	2	3	19,10	55,77	46,75
41	SO 5157	Salvador, Brasil	1	2	1	22,70	37,37	44,75
42	BRS Havana	Paraíba, Brasil	1	2	2	40,00	49,44	43,50
43	55 437	Senegal, África	2	2	1	35,00	40,36	40,70
44	Tatu	S.Paulo, Brasil	1	1	1	40,00	46,23	43,33
45	14 AM	Beltsville, EUA	1	3	1	37,20	48,46	43,35
46	166 AM	ICRISAT, África	2	2	2	35,00	49,90	43,50
47	76AMxTupa	Embrapa, Brasil	1	2	1	24,10	44,19	42,23
48	76AMxPoitara	Embrapa, Brasil	1	1	2	20,55	49,45	43,18
49	76AMx51AM	Embrapa, Brasil	1	2	1	21,38	54,85	42,58
50	L7 bege	Paraíba, Brasil	1	2	1	27,00	51,89	46,45
51	BRS 151 L7	Paraíba, Brasil	1	1	1	27,00	50,79	46,03
52	190 AM	ICRISAT, África	2	2	2	35,00	43,67	43,80
53	194 AM	ICRISAT, África	2	2	2	35,00	48,84	42,03
54	L.47	ICRISAT, África	2	2	1	25,15	44,05	41,93
55	208 AM	ICRISAT, África	2	2	2	35,00	47,93	43,08
56	L 135	ICRISAT, África	2	2	2	35,00	55,83	44,13
57	L.140	ICRISAT, África	2	2	3	24,10	58,96	42,68
58	270 AM	Embrapa, Brasil	1	1	1	30,83	47,98	41,83
59	271 AM	Embrapa, Brasil	1	1	1	30,40	48,33	41,30
60	276 AM	Embrapa, Brasil	1	1	1	32,40	41,36	44,30
61	278 AM	Embrapa, Brasil	1	1	1	36,10	45,86	43,25
62	280 AM	Embrapa, Brasil	1	2	1	21,60	47,73	42,53
63	283 AM	Embrapa, Brasil	1	2	1	21,00	50,02	41,98
64	298 AM	Forquilha, Brasil	1	1	1	19,60	37,80	44,73
65	Tiçãõ	IAPAR, Brasil	1	3	2	24,60	50,43	39,68
66	Botutatu	São Paulo, Brasil	1	1	2	25,95	46,77	40,73
67	IAC 8112	Campinas, Brasil	1	2	1	28,55	47,49	40,20
68	307 AM	Espanha	2	2	1	22,10	44,44	45,18
69	308 AM	Espanha	1	1	1	22,40	50,02	44,05
70	309 AM	Espanha	2	2	1	17,83	41,12	44,10
71	310 AM	Espanha	2	2	2	17,70	54,24	44,03
72	PI 165 371	EUA	2	2	1	24,30	40,88	45,20
73	SapucaiaB	C. Almas, Brasil	1	2	1	22,35	42,35	43,60
74	SapucaiaV	C. Almas, Brasil	1	1	2	25,75	41,87	43,45

Tabela 1. Cont.

75	US 414	EUA	1	1	1	26,47	44,52	48,93
76	Serrinha	Remígio, Brasil	1	1	2	24,25	44,48	41,48
77	Caiana	Brasil	1	1	2	22,38	41,41	41,45

Legenda: TB- tipo botânico: 1- Valencia, 2- Spanish; CS- cor da semente: 1- vermelha, 2- bege, 3- róseo; C: ciclo (dias): 1- inferior a 90 dias, 2- acima de 90 e até 95 dias, 3- acima de 95 dias; AHP: altura da haste principal (cm), P100S- peso de 100 sementes (g); O%- teor de óleo.

3.2 Análise de divergência genética e técnicas de agrupamento

Após estabelecimento da base de dados, composta a partir de dados qualitativos e quantitativos, utilizou-se o algoritmo de Gower (1971) para estimação das distâncias genéticas:

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

Onde: K é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots, p$); i e j , dois indivíduos quaisquer que representam o genótipo; W_{ijk} é um peso dado a comparação ijk , sendo 1 para comparações válidas e 0 para comparações inválidas, no caso do valor da variável estar ausente em um ou ambos genótipos; S_{ijk} é a contribuição da variável k na similaridade entre os genótipos i e j , possuindo valores entre 0 e 1 .

Após obtida a matriz de distâncias, procedeu-se agrupamento sequencial hierárquico pelos métodos de otimização de Tocher e pelo UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Para ao grupamento UPGMA procedeu-se a comparação entre as matrizes de distância e de agrupamento por meio da estimativa de correlação cofenética.

De acordo com Cruz et al. (2011), no método otimização de Tocher, o conjunto de genótipos é dividido em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos, onde a partir da matriz de dissimilaridade é estabelecido o par de genótipos mais similares que formarão o grupo inicial. A inclusão ou não de um indivíduo no grupo parte do pressuposto de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos e que a inclusão de um genótipo em um grupo aumenta o valor médio da distância dentro do grupo, assim toma-se a decisão de incluir ou não o indivíduo levando em consideração que o valor médio da distância intragrupo não deve ultrapassar um valor

preestabelecido. Dessa forma, tem-se que a distância entre o genótipo **k** e o grupo composto pelos genótipos é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

em que: $d_{(ij)k}$ é a distância entre o grupo composto pelos genótipos **ij** e o **k**; d_{ij} é a distância entre o genótipo **i** e o **j**; d_{jk} é a distância entre o genótipo **j** e o genótipo **k**.

A inclusão do genótipo **k** no grupo é baseada na seguinte premissa:

se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o genótipo **k** no grupo; se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, o genótipo **k** não é incluído no grupo.

Para o cálculo das distâncias intragrupo e intergrupo no método UPGMA tem-se como base a distância matriz de dissimilaridade, onde serão identificados os dois genótipos mais similares, que serão reunidos em um grupo inicial. A seguir, será estimada a distância do grupo inicial em relação aos demais genótipos pela expressão:

$$d_{(ab)c} = \text{média} (d_{ac}; d_{bc}) = \frac{(d_{ac} + d_{bc})}{2};$$

para a distância entre dois grupos, será adotada a expressão:

$$d_{(ab)(cd)} = \frac{(d_{ac} + d_{ad} + d_{bc} + d_{bd})}{4}.$$

Alternativamente, foram estimados os componentes principais através da transformação dos dados originais em um conjunto com dimensão equivalente e não correlacionados (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Assim, sendo \mathbf{x}_{ij} a média do **j**-ésimo descritor ($j = 1, 2, \dots, n$) relativo ao **i**-ésimo acesso ($i = 1, 2, \dots, m$) e **R** correspondendo à matriz de variância, os componentes principais foram estimados pela seguinte combinação linear:

$$Y_{ij} = a_1 x_{i1} + a_2 x_{i2} + \dots + a_n x_{in}$$

Onde: \mathbf{Y}_{ij} = componente principal; \mathbf{X}_{in} = observação do **i**-ésimo acesso relativo ao **n**-ésimo caráter; \mathbf{a}_n = elemento correspondente ao **n**-ésimo caráter.

Todos os procedimentos estatísticos foram realizados com através do programa GENES, versão 2013.5.1 (CRUZ, 2013).

Na análise de agrupamento baseada pelo método UPGMA, contudo, verificou-se maior sensibilidade do método que revelou arranjos interessantes entre os tipos botânicos capazes de serem explorados em cruzamentos gerando indivíduos promissores e com ganhos genéticos expressivos no processo seletivo (Figura 1).

Entre os cinco grupos gerados nessa metodologia, alguns contiveram características peculiares dos acessos, atestando a robustez dos descritores na diferenciação intraespecífica (Figura 1). Os grupos 1 e 4 aglomeraram acessos com baixo teor de óleo, a maioria com larga adaptação ao ambiente semiárido, sendo os do grupo 1 melhorados pelo ICRISAT e o 4, pela Embrapa, destacando-se as cultivares precoces BRS Havana (42), BRS 151 L7 (51) e BR 1 (39), todas com ciclo abaixo de 90 dias e recomendadas para o semiárido nordestino (SANTOS et al., 2013; GOMES et al., 2007; SANTOS et al., 2006; SANTOS, 2000). O grupo 2 conteve apenas três acessos, de origem norte americana que, apesar de seus valores como recurso genético, não detém características excepcionais para seleção em um trabalho de hibridação.

O grupo 3 conteve 53% do total de acessos, agrupando materiais dos dois tipos botânicos, porém, com cinco subgrupos estabelecidos em função dos pequenos conglomerados formados, apresentando as seguintes características: a) subgrupo 3.1, composto por acessos Spanish, com grãos pequenos, de coloração creme e baixo teor de óleo, podendo ser utilizados para o mercado de alimentos industrializados; b) subgrupo 3.2, contem, na maioria, acessos precoces, com ciclo inferior a 90 dias e grãos grandes, mais indicados para o mercado de consumo “in natura”. Destacam-se nesse grupo o acesso 283 AM (63), obtido por meio de hibridação entre as cultivares internacionais Manfredi 407 x Florunner, de elevado potencial de produção, e 76AMx51AM (49), oriundo do cruzamento entre a cultivar africana 55 437 e a paulista IAC Oirã, de boa adaptação ao semiárido (DUARTE et al., 2013; SANTOS et al., 2010). O subgrupo 3.3 conteve apenas dois acessos do tipo Spanish, ambos indianos e muito similares em todos caracteres, podendo se tratar de materiais aparentados; o subgrupo 3.4 deteve, na maioria, acessos precoces do tipo Valencia, de grãos grandes e com padrão para atender o mercado de alimentos. O último subgrupo, 3.5, foi formado por acessos que, no geral, tem ciclo superior a 90 dias e revelam características de adaptação mais voltada para ambientes tropicais. Dentre os acessos do grupo, destaca-se a cv. Botutatu, recomendada para as condições do Sudeste brasileiro (ESQUIVEL et al., 1993).

Finalmente, o grupo 5 conteve só acessos do grupo Valencia, de sementes vermelhas e padrão adequado para o mercado de consumo in “natura”.

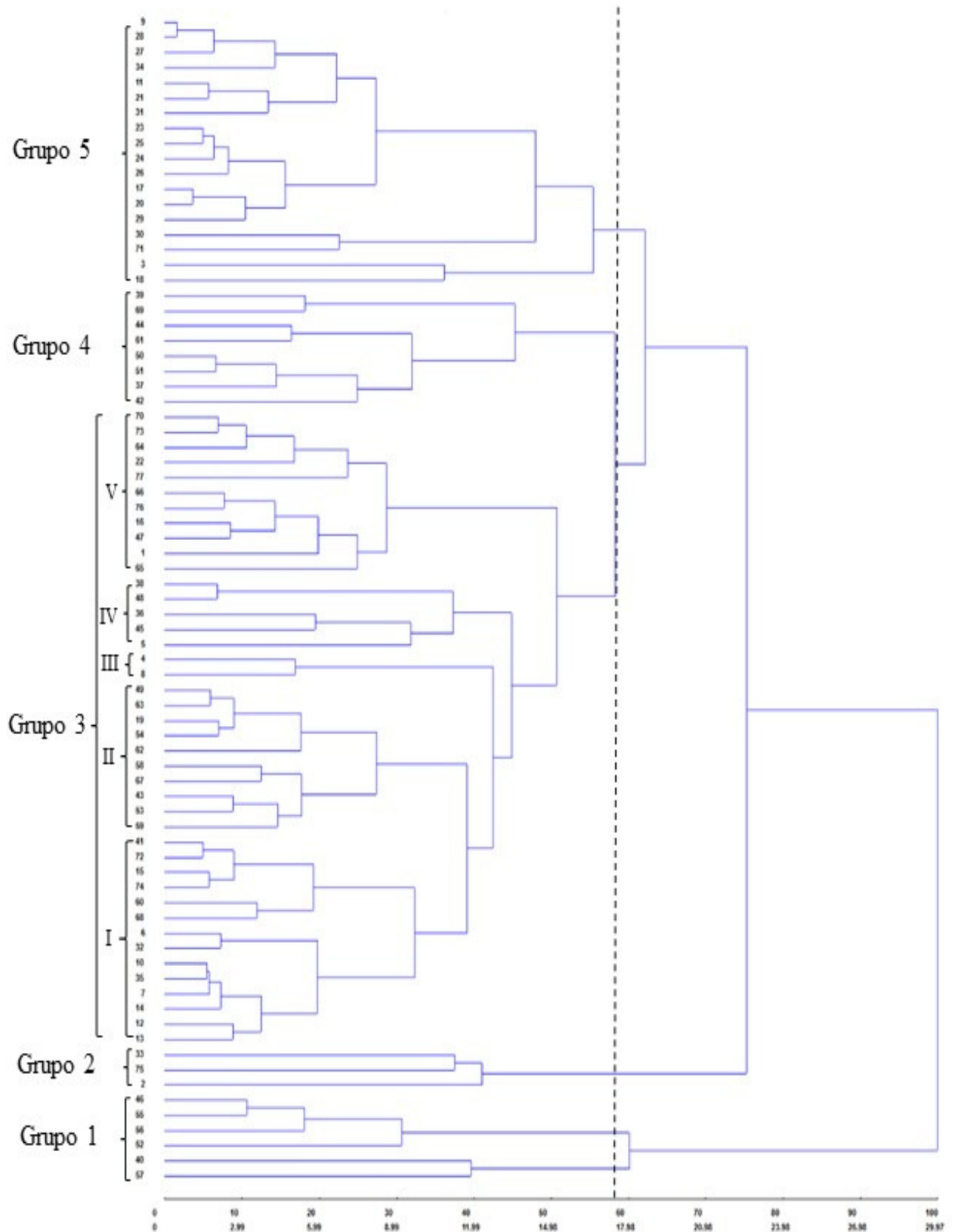


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade dos 77 genótipos de amendoim da subespécie *fastigiata*. Coeficiente de correlação cofenética 0,829. Linha pontilhada representa crivo de seleção adotado baseando-se no índice de similaridade superior a 60%.

As composições dos grupos apresentadas pelo método UPGMA fornecem subsídios para sugerir a melhoristas os acessos mais indicados para condução de um programa de melhoramento, focalizado na aquisição de precocidade e no mercado de alimentos, envolvendo os segmentos “in natura” e de produtos industrializados. A aquisição de genótipos precoces é um requisito de grande relevância em qualquer programa de melhoramento, independente do ambiente onde a futura cultivar será destinada (SANTOS et al., 2013). Tal atributo tornou-se mais valioso, para qualquer cultura, desde a percepção das várias mudanças climáticas, especialmente as de natureza hídrica, estabelecidas desde a última década.

Os componentes principais e seus autovalores foram empregados na obtenção das estimativas das variâncias (autovalores e variação acumulada), sendo estimados de modo a dispor os genótipos em um gráfico de dispersão (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Na análise de agrupamento baseada no método de componentes principais, o ajuste do modelo resultante do uso dos 19 descritores não foi capaz de explicar a variação total, nos três primeiros componentes, que somaram 53,85%.

Uma estratégia adotada para um novo agrupamento foi usar apenas os nove caracteres quantitativos, onde foi possível verificar que os dois primeiros componentes somaram 70% da variação total (Tabela 3).

Tabela 3. Componentes principais e suas respectivas importâncias relativas (Raiz) e acumuladas (% Acumulada) para os 9 descritores quantitativos avaliados nos 77 acessos.

Componentes	Raiz	Raiz (%)	% Acumulada
CP1	6,55	38,42	38,42
CP2	4,98	31,99	70,41
CP3	2,19	16,28	86,70
CP4	1,05	10,71	95,41
CP5	0,88	3,79	99,20
CP6	0,66	0,70	99,90
CP7	0,33	0,19	100,00
CP8	0,32	0,60	100,00
CP9	0,01	0,20	100,00

CP: componente principal.

De acordo com Cruz e Regazzi (1997), a estimativa mínima da variação contida nos dois primeiros componentes principais deve ser de 80%. Outros autores, contudo, recomendam mais de 70% da variância total para os primeiros componentes principais (HÄRDLE e SIMAR, 2003;

RENCHER, 2002; TIMM, 2002). Outra estratégia é descrita por Kaiser (1960) que estabelece o critério para a seleção dos componentes quando o valor próprio for superior à unidade.

A ordem das variáveis de maior peso nos primeiros autovetores: Peso de 100 vagens (P100v), peso de 100 sementes (P100s), peso das vagens por planta (PVP), peso das sementes por planta (PSP), número de vagens por planta (NVP), teor de óleo (TO), índice de colheita (IC), número de sementes por vagem (NSV) e comprimento da vagem (CV), o que representa a capacidade, em ordem decrescente, das variáveis em representar a variação total. Santos et al. (2000) conduziram um estudo sobre classificação de genótipos de amendoim baseando-se em descritores morfológicos, agronômicos e enzimáticos adotando o método das componentes principais e verificaram também que P100v e P100s foram as variáveis mais responsivas e que explicaram 63% da variação entre dez descritores agronômicos.

A dispersão dos pontos correspondentes aos 77 genótipos encontra-se na Figura 2. Baseando-se nos agrupamentos obtidos pelos métodos de Tocher (Tabela 1) e UPGMA (Figura 1), foi possível estabelecer no gráfico a formação de sete grupos que consolida a indicação dos blocos de acessos mais similares entre si. O grupo I mostrou-se bastante coerente na representação dos indivíduos similares, levando em consideração que nas três metodologias adotadas os resultados foram bastante similares, possivelmente por serem linhas puras, de alta precocidade e adaptação ao semiárido. Os acessos desses grupos podem ser recomendados como fortes candidatos a progenitores em trabalhos de hibridação visando posterior seleção de linhas precoces e adaptadas ao ambiente semiárido. Para seleção de genitores com padrão de sementes voltados para o mercado de alimentos, os acessos aglomerados no grupo IV revelam alta identidade com os formados nos grupos 4 e 3.2 no dendrograma (Figura 1), sendo este grupo representado por genótipos como as cultivares precoces da Embrapa BRS Havana (42), BRS 151 L7 (51) e BR 1 (39), para o segmento “in natura” e IAC 8112, para o segmento de alimentos industrializados (SANTOS et al., 2013).

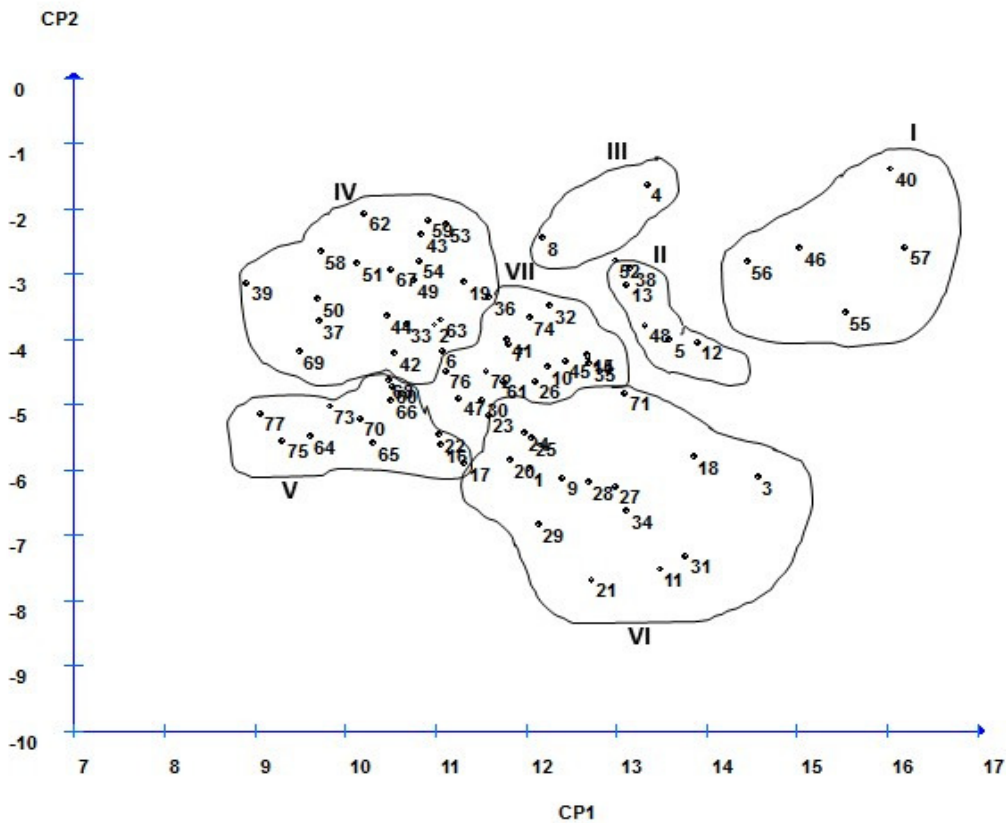


Figura 2. Dispersão gráfica para 77 acessos de amendoim em relação ao primeiro e segundo componentes principal, estabelecido pela combinação linear de dezenove características morfoagronômicas.

Os métodos adotados neste estudo para estimar a diversidade genética nos acessos da coleção de amendoim da subsp. *fastigiata* demonstraram coerência na separação dos tipos botânicos, especialmente entre os da var. *vulgaris* em função da maior abrangência de caracteres que são intrínsecos nessa subespécie. Na literatura, vários estudos de diversidade tem sido conduzidos com subespécies de amendoim e o sucesso na identificação de populações divergentes varia em função das variantes registradas, especialmente nas populações da var. *fastigiata*. Esquivel et al. (1993) adotaram o método de componentes principais para diferenciar acessos de amendoim das subespécies *fastigiata* e *hypogaea*, baseando-se em descritores agrônômicos, bioquímicos, morfológicos e fitopatológicos e não obtiveram clareza na separação dos acessos intraespecíficos, mesmo usando descritores agrônômicos que são mais robustos para caracterização de germoplasma. Mehndiratta et al., (1970) afirmam que quando a população é oriunda de uma mesma região geográfica ou quando ela sofre pressões de seleção pra fixação de caracteres afins, a tendência de se detectar diversidade entre acessos é menor.

CONCLUSÕES

As três metodologias usadas em conjunto mostraram-se coerentes na formação dos grupos estabelecidos, revelando combinações interessantes para serem usadas em programas de melhoramento visando obtenção de linhagens com tolerância ao ambiente semiárido e com padrão de sementes voltados para o mercado de alimentos.

Dentre as três metodologias estudadas, destaca-se a análise de divergência baseada no método UPGMA que identificou acessos divergentes, como os L.140 e BRS Havana, SO 363 e 308 AM, 76AMx51AM e 310 AM, que podem ser utilizados em futuros cruzamentos desenvolvidos pela Embrapa Algodão.

REFERÊNCIAS

AJAY, B. C.; GOWDA, M. V. C.; RATHNAKUMAR, A. L.; KUSUMA, V. P.; FIYAZ, R. A.; HOLAJJER, P.; RAMYA, K. T.; GOVINDARAJ, G.; BABU, H. P. Improving genetic Attributes of Confectionary Traits in Peanut (*Arachis hypogaea L.*) Using Multivariate Analytical Tools. **Journal of Agricultural Science**, v. 4, n. 3, p. 247-258, 2012.

BOLONHEZI, D.; GODOY, I. J. de; SANTOS, R. C. dos. Manejo cultural do amendoim. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M.; (ed.). **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, P.185-237, 2013.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2014/2015: segundo levantamento**. V. 2, novembro/2014. Brasília, DF: Conab, 103p. 2014. Acessado em 20 Dez. 2014. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_05_15_09_04_55_boletim_maior2014.pdf.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390p, 1997.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa-MG, Ed. UFV, 2006, 175 p.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Editora UFV, 620p, 2011.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4º ed. Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

CRUZ, C. D. GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci., Agron.* v.35, n.3, pp. 271-276, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.

DUARTE, E. A. A.; MELO FILHO, P. de A.; SANTOS, R. C. Características agronômicas e índice de colheita de diferentes genótipos de amendoim submetidos a estresse hídrico. **Revista Brasileira de Engenharia agrícola e Ambiental.** V. 17, n. 8, 2013.

ESQUIVEL, M., FUNDORA, Z., HAMMER, K. Peanut (*Arachis hypogaea* L.) genetic resources in Cuba. I I. Preliminary germoplasm evaluation. **FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsletters**, Roma, v. 91/92, p. 17-20, 1993.

GOMES, L. R.; SANTOS, R. C.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; MELO FILHO, P. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de amendoim de porte ereto. **Pesq. Agropec. Bras.**, v.42, n.7, p.985-989, 2007.

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

GRANJA, M. M. C.; MELO FILHO, P. A.; SANTOS, R. C. dos. Análise genética em uma população intraespecífica de amendoim baseada em descritores fenotípicos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.4, n.3, p.257-260, 2009.

HÄRDLE, W.; SIMAR, L. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. Berlin: MD Tech. 488p, 2003.

KAISER, H.F. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 141-51, 1960.

KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, v. 8, p. 1-186, 1994.

KUMAR, I. S.; MARAPA, N.; GOVINDARAJ, M. Classification of germplasm and advanced breeding lines of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) through principal component analysis. **Legume Research**. v. 33, p. 242-248, 2010.

LUZ, L. N. da; SANTOS, R. C. dos; MELO FILHO, P. de A.; GONÇALVES, L. S. A.; Combined selection and multivariate analysis in early generations of intraspecific progenies of peanuts. **Chilean Journal of Agricultural Research**. v. 74, p. 16-22, 2014.

MAKINDE, S. C. O.; ARIYO, O. J. Multivariate analysis of genetic divergence end twenty two genotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Journal of Plant Breeding and Crop Science** v. 2, p. 192-204, 2010.

MAKINDE, S. C. O.; ARIYO, O. J. Genetic divergence, Character Correlations and Heritability Study in 22 Accessions of Groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Journal of Plant Studies**, v. 2, n. 1, 2013.

MEHNDIRATTA, P.D., PHUL, P.S., N.D. Genetic diversity in relation to fodder field and its components in Shorgum. **Indian Journal of Genetic & Plant Breeding**, India, v. 31, n. 1, p. 300-306, 1970.

MELO FILHO P. de, A.; SANTOS, R. C. A cultura do amendoim no Nordeste: situação atual e perspectivas. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agronômica**, v. 7, p.192-208, 2010.

NOGUEIRA, R. J. M. C.; TÁVORA, F. J. A. F.; ALBUQUERQUE, M. B. de; NASCIMENTO, H. H. C. do.; SANTOS, R. C. dos. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013, p. 73-113.

PEREIRA, J. W. de L.; MELO FILHO P. de A.; ALBUQUERQUE, M. B.; NOGUEIRA, R. J. M. C.; SANTOS, R. C. Mudanças bioquímicas em genótipos de amendoim submetidos a déficit hídrico moderado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 766-773, 2012.

RENCHEER, A.C. **Methods of Multivariate Analysis**. New York: Wiley-Interscience. 740p, 2002.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007, 561 p.

SAFARI, P.; DANYALI, S. F.; HONARNEJAD, R.; ESFAHANI, M. Study of relationship between oil quality traits with agromorphological traits in peanut genotypes by canonical correlation analysis. **International journal of biosciences**. V. 3, n. 8, p. 1-10, 2013.

SANTOS, R.C. BRS 151 L7: nova cultivar de amendoim para as condições do Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.3, p.665-670, 2000.

SANTOS, R. C. dos; MOREIRA, J. de, A. N.; FARIAS, R. H. de; DUARTE, J. M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SANTOS, R.C.; FREIRE, R.M.M.; SUASSUNA, T.M.F.; REGO, G.M. BRS Havana: nova cultivar de amendoim de pele clara. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.8, p.1337-1339, 2006.

SANTOS, R. C.; RÊGO, M. G.; SILVA, A. P. G da; VASCONCELOS, J. O. L.; COUTINHO, J. L. B.; MELO FILHO P. de, A.; Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. Campina Grande-PB, v.14, n.6, p.589–593, 2010.

SANTOS, R. C. dos; GODOY, I. J. de; FÁVERO, A. P. Melhoramento do amendoim e cultivares comerciais. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013, p. 117-184.

TIMM, N.H. **Applied Multivariate Analysis** . New York: Springer-Verlag. 720p, 2002.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. Mossoró-RN. UFERSA, 150 f. 2008 Tese (Doutorado).

USDA. United States Departamento f Agriculture. **Oilseeds: world markets and trade**. Foreign Agricultural Service. November 2014. Acessado em 15 Dez. de 2014. Disponível em: <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>. Acesso em : 10 Dezembro 2014.

VALLS, J. F. M. e SIMPSON, C. E. New species of *Arachis* (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. **Bonplandia**, CORRIENTES-Argentina, v.14, p. 35-64. 2005.

VALLS, J. F. M. Recursos genéticos do gênero *Arachis*. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013, p. 45-70.

VEIGA, R. F. de A.; VALLS, J. F. M. Coleta de germoplasma de amendoim, no Nordeste do Brasil. **O agrônomo**. Campinas-SP, v. 34. 1982.

WETZEL, M. M. V.; SILVA, D. B.; VALLS, J. F. M.; PAIS, O. P. Conservação de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) a longo prazo. **Circular Técnica 37**. Brasília-DF, 6 p. 2005.

YADAV, S. R.; RATHOD, A. H.; SHINDE, A. S.; PATADE, S. S.; PATIL, C. N.; VAGHELA, P. O. Genetic variability and divergence studies in groundnut (*Arachis hypogaea* Linn.). **International Journal of Agricultural Sciences**. V. 10, p. 691-694. 2014.