

**ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS
DE AMENDOIM BASEADA EM MODELOS UNIE
MULTIVARIADOS**

MARÍLIA DE MACÊDO DUARTE MORAIS

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
CAMPINA GRANDE – PB
OUTUBRO DE 2020**

**ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS
DE AMENDOIM BASEADA EM MODELOS UNIE
MULTIVARIADOS**

MARÍLIA DE MACÊDO DUARTE MORAIS

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. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos

CAMPINA GRANDE – PB

OUTUBRO DE 2020

É expressamente proibido 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 do trabalho.

M827e Morais, Marília de Macedo Duarte.

Estimativa da variabilidade genética em acessos de amendoim baseada em modelos uni e multivariados [manuscrito] / Marília de Macedo Duarte Morais. - 2020.

41 p. : il. colorido.

Digitado.

Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Universidade Estadual da Paraíba, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa, 2020.

"Orientação : Profa. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos , Embrapa Algodão ."

1. Arachis hypogaea. 2. Germoplasma. 3. Correlações genéticas. 4. Amendoim. I. Título

21. ed. CDD 633.368

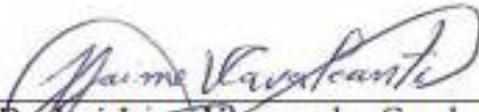
**ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS
DE AMENDOIM BASEADA EM MODELOS UNI E
MULTIVARIADOS**

MARÍLIA DE MACÊDO DUARTE MORAIS

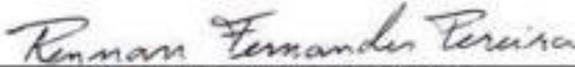
Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Melhoramento Vegetal.

Aprovada em: 30/10/2020.

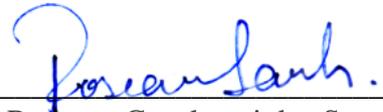
Banca examinadora:



Dr. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti
Prof. UEPB - Embrapa Algodão



Dr. Rennan Fernandes Pereira
Consultor Fundação Eliseu Alves



Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos
Prof^ª. UEPB - Embrapa Algodão - Orientadora

A Deus e a minha amada mãe Maria, por tudo que tenho, especialmente, pela força e coragem concedidas em todos os momentos de minha vida.

Aos meus pais, José Murilo e Maria das Graças, pela esmerada educação e empenho na minha formação. Sou muito grata por toda dedicação, incentivo e amor.

Aos meus irmãos José Murilo e Marcello, meus melhores amigos. Grata pelo amor e companheirismo; minhas cunhadas Camila e Annelise e meu sobrinho amado, José Marcelo.

A meu esposo Rodolfo Augusto, minha fonte de paz, pelo amor e dedicação ofertados, por cada momento compartilhado com tanto carinho e paciência; a nossa filha Mariah, luz dos meus olhos e a maior expressão do amor e felicidade em nossas vidas.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Coordenação do Curso de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da UEPB, ao secretário do Curso e a Capes (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela bolsa concedida.

À Embrapa Algodão, pela estrutura física e recursos financeiros para execução da pesquisa.

A Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos, minha orientadora, pelo empenho e dedicação na consolidação de meu desenvolvimento profissional.

Aos membros examinadores, Drs. José Jaime V. Cavalcanti e Rennan F. Pereira, pela disponibilidade e valiosas contribuições.

Aos docentes do Programa, pelos valorosos ensinamentos.

À grande amiga Carliane Rebeca, pelo apoio, companheirismo e presença constante na minha vida; às amigas Sabrina e Bárbara pelos prazerosos momentos de alegria.

À equipe técnica do Laboratório de Biotecnologia, em especial, Terezinha Duarte e Fabia Suely; aos colegas de trabalho, Aline, Daniela, Fatima, Rennan e Jean, por todos os momentos de amizade e apoio; aos demais colegas aqui não citados, mas não menos merecedores de meus agradecimentos.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS

LISTA DE FIGURAS

RESUMO

ABSTRACT

1. INTRODUÇÃO	11
2. REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 Botânica do gênero <i>Arachis</i>	15
2.2 Importância econômica	20
2.3 Variabilidade genética em acessos interespecíficos de amendoim	22
3. MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1 Germoplasma e condução experimental	26
3.2 Análise estatística	28
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
4.1 Análise univariada das variáveis de amendoim	29
4.2 Análise multivariada dos acessos de amendoim	32
4.3 Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis de amendoim	35
5. CONCLUSÕES	37
REFERÊNCIAS	38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Descritores contrastantes das subespécies de amendoim <i>fastigiata</i> e <i>hypogaea</i>	16
Tabela 2. Evolução na produção mundial de óleos (em milhões de toneladas)	21
Tabela 3. Dados de passaporte dos acessos de amendoim	28
Tabela 4. Resumo da análise de variância para os acessos de amendoim	31
Tabela 5. Média e percentual da amplitude das variáveis nos acessos de amendoim crescidos em casa de vegetação	32
Tabela 6. Estimativa de variância (valores próprios e variação acumulada) das variáveis canônicas para nove características de amendoim	34
Tabela 7. Correlações fenotípicas (R_f) e genotípicas (R_g) entre os descritores de amendoim	36

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Aspecto geral dos acessos de amendoim do tipo fastigiata (A) e hypogaea (B).....	16
Figura 2. Detalhe da inflorescência (A) e ginóforo (B) do amendoim	17
Figura 3. Gradação de cor das pelúcidas de amendoim nos acessos da coleção de amendoim gerenciada pela Embrapa	20
Figura 4. Temperatura (T_{\min} e T_{\max}) e umidade relativa do ar (UR) distribuídas em decêndios durante o ciclo do amendoim, em casa de vegetação	27
Figura 5. Dendograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade dos 11 acessos de amendoim	33
Figura 6. Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas, com base em nove descritores agrônômicos obtidos nos onze acessos de amendoim	34

RESUMO

MORAIS, MARÍLIA DE MACÊDO DUARTE. Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, Outubro, 2020. Estimativa da variabilidade genética em acessos de amendoim baseada em modelos uni e multivariados. Orientadora: Prof^a. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos.

O amendoim (*Arachis hypogaea*) é uma importante oleaginosa para o mercado de alimentos. As cultivares disponíveis no Brasil pertencem a duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata*, cada uma com características distintas nos aspectos morfológico e agrônômico. Os acessos da subsp. *hypogaea* se caracterizam por serem do tipo rasteiro, ciclo longo e ausência de flores na haste principal, enquanto os *fastigiata* são de porte ereto, precoces e com flores em todos os ramos da planta. Apesar de ser uma planta que se reproduz por autogamia, com flores cleistogâmicas, é possível detectar variabilidade genética entre acessos da mesma subespécie, dependendo da genealogia e algumas características peculiares na população. Tal conhecimento é fundamental para planejamentos das estratégias a serem adotadas em programas de melhoramento. Nesse trabalho estimou-se a variabilidade genética de uma população constituída de onze acessos da subsp. *fastigiata*, baseada em modelos uni e multivariados. Adicionalmente foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas, baseando-se em 14 descritores associados com a eficiência reprodutiva da população. Os acessos foram cedidos pela Universidade Federal do Ceará e posteriormente introduzidos na Coleção de Amendoim da Embrapa Algodão. Sementes dos acessos foram cultivados em vasos, em casa de vegetação, durante os meses de Out/2019 a Jan/2020, seguindo-se as recomendações de manejo adotada pela curadoria da cultura. O desenho experimental foi inteiramente casualizado com três repetições. Os descritores adotados para as análises uni e

multivariada foram: altura da planta (AP), número de vagens/planta (NV), peso das vagens/planta (PV), peso de 100 vagens (P100V), peso de 100 sementes (P100S), início da floração (IF), número total de ginóforos/planta (NG), número total de flores/planta (NF), duração da floração (DF), viabilidade das flores (VF), maturação completa das vagens (MCV), índice de colheita (IC), eficiência reprodutiva baseada no número de flores (Erf) e eficiência reprodutiva baseada no número de ginóforos (Erg). Os procedimentos estatísticos foram baseados na análise de variância (teste F) e classificação das médias (teste Tukey), para os modelos univariados, e UPGMA e variáveis canônicas (VC), para os multivariados. Foi encontrada diferença estatística significativa para maioria dos descritores indicando que há variabilidade na população estudada, com exceção de IF, DF e MCV. Os acessos PI-268-689, Dwarf, AHK-85-3, Feuri-11 e SR-1-4 se destacaram como mais produtivos. Nas análises de agrupamento via UPGMA e VC três grupos foram igualmente constituídos, G1: Dwarf, Feuri-11, G.D.M-MUT-1 e SR-1-4, G2: Dixie-Spanish, 55114, Georgia, G.D.M e R-31-1 e G3: PI-268-689 e AHK-85-3. Desses, G3 conteve os acessos mais promissores, baseando-se na PV, Erg e IC. Com relação às correlações, verificou-se que é possível focalizar na seleção de acessos com alta eficiência reprodutiva adotando-se combinações Erg x IC e NV x Erg, que foram positivas e de alta a média magnitudes. Cabe ao melhorista selecionar o descritor de melhor comodidade para adotar nos procedimentos de seleção.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea*; Germoplasma; Modelos multivariados; Correlações genéticas.

ABSTRACT

MORAIS, MARÍLIA DE MACÊDO DUARTE. Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, October, 2020. Estimating of genetic variability in peanut accessions based on univariate and multivariate models. Advisor: Dr, Mrs. Santos, Roseane Cavalcanti.

Peanut (*Arachis hypogaea*) is an important oilseed for the food market. The cultivars available in Brazil belong to two subspecies, *hypogaea* and *fastigiata*, each with different morphological and agronomical traits. The *hypogaea* accessions are runner types, long cycle and absence of flowers on the main stem, while the *fastigiata* are upright, earliness, with flowers on all branches of plant. Despite to be a autogamous with cleistogamic flowers, it is possible to detect genetic variability between accessions of the same subspecies, depending on the genealogy and some peculiar traits in the population. Such knowledge is essential to planning the strategies adopted in breeding programs. In this work, the genetic variability of a population with eleven *fastigiata* accessions was estimated, based on uni and multivariate models. Additionally, phenotypic and genotypic correlations were estimated, based on 14 traits associated to reproductive efficiency. The accessions were provided by Federal University of Ceará and later introduced into Peanut Collection, of Embrapa Algodao, Brazil. Assay as carried out in greenhouse, during Oct / 2019 to Jan / 2020. Seeds were grown in pots, following the management recommendations adopted by the crop curator. The experimental design was completely randomized with three repetitions. The descriptors adopted for the univariate and multivariate analyzes were: plant height (PJ), number of pods / plant (NP), weight of pods / plant (WP), weight of 100 pods (W100P), weight of 100 seeds (W100S), Blooming (B), total number of gynophores / plant (NG), total

number of flowers / plant (NF), flowering duration (FD), flower viability (FV), full pod maturation (FPM), harvest index (HI), reproductive efficiency based on the number of flowers (REf) and reproductive efficiency based on the number of gynophores (REg). The statistical procedures were based on analysis of variance (F test) and classification of means (Tukey test) for univariate models, and UPGMA and canonical variables (VC), for multivariate analysis. A statistically significant difference was found for most traits indicating that there is variability in the studied population, excepting to B, FD and FPMV. The accessions PI-268-689, Dwarf, AHK-85-3, Feuri-11 and SR-1-4 were more productive. Through UPGMA and VC analysis, three groups were clustered, G1: Dwarf, Feuri-11, GDM-MUT-1 and SR-1-4, G2: Dixie-Spanish, 55114, Georgia, GDM and R-31- 1 and G3: PI-268-689 and AHK-85-3. Of these, G3 had the most promising accessions, based on WP, REg and HI. As to correlations, we found that is possible to selecting accessions with high reproductive efficiency by adopting REg x HI and NP x REg combinations, which showed positive and high to medium magnitudes. It is up to the breeder to select the best convenience traits in order to adopt them in further selection procedures.

Keywords: *Arachis hypogaea*; Germplasm; Multivariate models; Genetic correlations

1. INTRODUÇÃO

O Brasil possui uma das maiores biodiversidades do mundo, sendo objeto de interesse em diversos segmentos que necessitam de conservação e manutenção das espécies animais e vegetais. Por meio delas, é possível gerar vários conhecimentos para auxiliar as pesquisas biológicas, com perspectivas de valorização dos recursos genéticos de origem animal e vegetal. Em todo o mundo, os bancos ativos de germoplasma (BAGs) são mantidos com fins de preservar os recursos genéticos, por serem estes reservatórios de genes que podem contribuir para o desenvolvimento agrícola de várias nações.

A conservação de recursos genéticos é uma preocupação em nível mundial. Em 2008 foi instituído, na Noruega, o Banco Global de Sementes de Svalbard, com capacidade de armazenar 4.500.000 amostras de sementes, visando armazenar acessos das principais espécies alimentares do planeta, evitando possíveis perdas por extinção (FALEIRO e JUNQUEIRA, 2011).

Além deste, outros grandes BAGs são mantidos em várias partes do mundo, com objetivo de manter a biodiversidade animal, vegetal, aquática e de microorganismos. Entre os que detém maior volume de germoplasma citam-se, o Consultative Group on International Agricultural Research (CGIAR), que gerencia onze centros de coleções de germoplasma – CIAT (Colômbia), CIP (Peru), The World Agroforestry Center (Quênia), IITA (Nigéria), ILRI (Quênia), INIBAP (Roma), AfricaRice CIMMYT (México), ICARDA (Marrocos), ICRISAT (Índia) e IRRI (Filipinas); o National Plant Germplasm System (NPGS), nos EUA, com 508,994 acessos; o Institute of Crop Germplasm Resources - Chinese Academy of Agricultural Sciences (ICGR-CAAS), na

China, com cerca de 391.919 acessos, o National Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR), na Índia, que detém cerca de 366.333 acessos; o N.I. Vavilov Research Institute of Plant Industry (VIR), na Rússia, com 322.238 acessos e o Biological Resource Centers (BRC) na França, com 90.884 acessos (FAO, 2010, ECPGR, 2020).

Outros menores, mas também expressivos, são o Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC), em Taiwan, com mais de 56.000 acessos de germoplasma vegetal; o Nordic Genetic Resource Center (NordGen), na Suécia, com cerca de 28.000 acessos; o Center for Tropical Agricultural Research and Education (CATIE), na Costa Rica, com mais de 11.000 acessos de hortaliças, frutas, café e cacau; o Southern African Development Community (SADC) e o Plant Genetic Resources Centre (SPGRC), ambos na Suécia, que detem mais de 10.500.

No Brasil, há 383 bancos ativos de germoplasma, os principais mantidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em São Paulo, e pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), em Brasília, que possuem 114.957 acessos de várias espécies localizadas em todas as partes do mundo (WETZEL et al., 2005; JANILA et al.; 2016, ALELO, 2020). A criação da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e a consolidação do Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuária (SNPA) permitiu uma maior organização nos recursos genéticos nacionais. O SNPA é liderado pela Embrapa e composto por suas 40 unidades além de instituições federais e estaduais de pesquisa agrícola, universidades e empresas públicas ou privadas, direta ou indiretamente vinculadas à pesquisa agrícola (FALEIRO e JUNQUEIRA, 2010). As culturas com maior número de acessos conservados são a soja (21.979), arroz (20.790), cevada (18.552) e feijão (17.561) (ALELO, 2020).

A maioria desses bancos é composta de subcoleções ou *core collections*, amplamente usadas no suporte de trabalhos de pesquisas biológicas. Os curadores são responsáveis por manter estes bancos e têm papel de administrá-los, por meio de coletas, caracterização e conservação. Após esse processo, os acessos que contém os bancos são devidamente registrados em bancos de dados oficiais. A catalogação dos dados de passaporte é o primeiro passo de identificação dos acessos, onde se registram o georeferenciamento e os dados primários das sementes ou estruturas reprodutivas. Posteriormente, outros descritores são adotados, geralmente os agrônômicos, para complementar a capacitação dos acessos.

As coleções de germoplasma são as ferramentas de trabalho dos melhoristas e geralmente representadas por um número limitado de acessos. É a partir dessas coleções que o melhorista pode focar mais diretamente nos recursos biológicos disponíveis para caracterizá-las e, posteriormente, utilizá-las como recurso genético para os trabalhos de seleção e hibridização, visando geração de variabilidade. Todas as cultivares atualmente disponíveis no Registro Nacional de Cultivares (http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php) vieram de procedimentos de seleção adotados pelos vários melhoristas espalhados em várias instituições de pesquisa brasileiras.

Os métodos convencionais e modernos adotados no melhoramento genético têm sido de grande contribuição para o desenvolvimento de várias espécies comerciais, desde alógamas a autógamias, onde os acessos introduzidos nas coleções são a fonte de matéria prima para início dos trabalhos. O tempo necessário para desenvolvimento depende muito do ciclo da espécie, mas, nas autógamias, os processos de autofecundação natural já contribuem sobremaneira para o avanço das gerações e aquisição de pureza varietal. Uma limitação das espécies autógamias, contudo, é a restrição da variabilidade genética intraespecífica, que dificulta o progresso no melhoramento, porém pode ser aumentada via novas introduções ou por meio de cruzamentos intra ou interespecíficos (SANTOS et al., 2013).

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma leguminosa com elevada taxa de autogamia, superando os 95%, beneficiada pelas flores hermafroditas e cleistogâmicas (VALLS, 2013; SANTOS et al., 2013). A espécie é dividida em duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata*, cada uma com dois tipos botânicos, garantindo variabilidade adicional uma vez que as características distintas nesses tipos são bastante suficientes para permitir diferenciação rápida no aspecto fenotípico.

Os vários acessos que compõem o gênero *Arachis* são mantidos pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, que gerencia o banco ativo de germoplasma de *Arachis*, com 2407 acessos, e a Embrapa Algodão, que gerencia a Coleção de *Arachis hypogaea*, com 281 acessos (ALELO, 2020). Todos esses acessos estão cadastrados em um sistema moderno desenvolvido pela Embrapa, denominado ALELO, um software que armazena, organiza, e disponibiliza dados das coleções nos segmentos animal, vegetal e de microrganismos.

Do total de acessos da Coleção de amendoim gerenciada pela Embrapa Algodão, 281 estão inseridos no Sistema Alelo e 60 se encontram em fase de caracterização, sendo 43 oriundos do SIBRARGEN e 17 da Universidade Federal do Ceará (UFC), todos pertencentes às subespécies *fastigiata* e *hypogaea*.

Desta forma, o objetivo do trabalho foi estimar a variabilidade genética de onze acessos cedidos pela UFC, baseando-se em descritores morfológicos e agronômicos, estimada por modelos uni e multivariados. Adicionalmente, estimar as correlações fenotípicas e genotípicas, baseando-se em 14 descritores associados com a eficiência reprodutiva da população.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Botânica do gênero *Arachis*

O gênero *Arachis*, pertencente à família Leguminosae, subfamília Faboideae, contém cerca de 82 espécies (SILVESTRI et al., 2020), sendo a maioria diploide ($2n=2x=20$), com apenas dois alotetraploides, *A. hypogaea* e *A. monticola* (VALLS, 2013). No gênero *Arachis* estão incluídas espécies importantes como *A. hypogaea*, oleaginosa e fonte direta da alimentação humana e as espécies forrageiras *A. pinto* e *A. glabrata* recomendadas para uso em pastagens consorciadas com gramíneas, produção de feno, melhora a fertilidade do solo e a dieta animal (EMBRAPA, 2001, 2019; SILVESTRI et al., 2020).

O amendoim cultivado pertence à seção *Arachis*, série *Amphiploides*, e é nativo da América do Sul, provavelmente de uma região que inclui o Brasil Central e o Paraguai, (MORETZSOHN et al., 2004) sendo cultivado em mais de 100 países do mundo (ZHANG et al., 2017). A constituição genômica do amendoim é AABB ($2n=4x=40$), que se acredita ser resultante da hibridação entre as espécies selvagens, *A. duranensis* (genoma AA, $2n=2x=20$) e *A. ipaensis* (genoma BB, $2n=2x=20$), com subsequente duplicação cromossômica (KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994; ZHANG et al., 2017).

No aspecto botânico, o amendoim é subdividido em duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata*; as plantas do tipo *hypogaea*, compostas pelos tipos Virgínia e Runner, caracterizada por ausência de inflorescência na haste principal, têm ramos primários reprodutivos e vegetativos alternados e possuem ciclo tardio; as da subesp. *fastigiata* são compostas pelos tipos Valência e Spanish, ambos de porte ereto, com inflorescência

na haste principal e ciclo curto. Na Figura 1 se encontra uma representação de acessos representando cada subespécie. Observa-se que os do tipo *fastigiata* (Fig 1A) possuem frutos mais concentrados na base da planta e vagens compridas, contendo 3-4 grãos, enquanto os do tipo *hypogaea* possuem produção espalhada nos ramos, com vagens possuindo 1-2 grãos. Uma síntese das principais características das subespécies é apresentada na Tabela 1.



Figura 1. Aspecto geral dos acessos de amendoim dos tipos *fastigiata* (A) e *hypogaea* (B). Foto: Roseane C Santos, Embrapa Algodão.

Tabela 1. Descritores contrastantes das subespécies de amendoim *fastigiata* e *hypogaea*.

<i>Fastigiata</i>	<i>hypogaea</i>
Tipos botânicos Valência e Spanish	Tipos botânicos Virgínia e Runner
Ramo principal com inflorescências	Ramo principal sem inflorescências
Ramos vegetativos e reprodutivos irregulares	Ramos vegetativos aos pares alternados com os ramos reprodutivos
Hábito de crescimento ereto	Hábito de crescimento rasteiro ou decumbente
Vagens contendo 3 a 4 sementes	Vagens contendo 1 a 2 sementes
Ciclo curto (85-110 dias)	Ciclo tardio (120-160 dias)
Sementes sem dormência fisiológica	Sementes com dormência fisiológica

Fonte: Nogueira et al. (2013).

A planta do amendoim apresenta crescimento indeterminado variando, em média, de 12 cm a 60 cm de altura da haste principal, dependendo do tipo botânico. As flores, que surgem em inflorescências, são completas e cleistogâmicas, favorecendo a autofertilização antes da antese. Depois de fertilizadas, desenvolve-se na base da gema florífera uma estrutura fibrosa, dotada de geotropismo positivo, denominada ginóforo, que carrega as vagens na extremidade (Figura 2).



Figura 2. Detalhe da inflorescência (A) e ginóforo (B) do amendoim. Foto: Roseane C Santos (Embrapa Algodão) e Marília de M D Morais (UEPB).

A geocarpia, isto é, o desenvolvimento de frutos subterrâneos, é uma característica intrínseca das espécies do gênero *Arachis*. A floração do amendoim tem início entre 20 e 35 dias após a emergência, dependendo do tipo botânico e é muito influenciada pelo clima. O pico de floração ocorre entre 20-30 dias após, indo até o final do ciclo onde a quantidade de flores é expressivamente reduzida (NOGUEIRA et al., 2013).

A alongação das vagens depende da ausência de luz e a maturidade leva em torno de 70 dias para os tipos *fastigiata* e 90 dias para os do tipo *hypogaea*, a partir do início da floração (SANTOS et al., 1997a). A maturação se completa entre 85 e 110 dias após a emergência das plântulas para os tipos *fastigiata* e 120 e 140 para os tipos *hypogaea* (SANTOS et al., 1997a; NOGUEIRA et al., 2013). Fenotipicamente, esse

aspecto pode ser visualizado pelas mudanças nas vagens, que se tornam finas na extremidade, com manchas marrons na parte interna (BOLONHEZI, 2013).

A colheita dos frutos é procedida quando 70% das vagens se encontram completamente maduras. Nesse estágio procede-se o arranquio para posterior secagem, que pode ser natural (exposição ao sol) ou artificial (por uso de estufa). No processo de secagem natural, as vagens devem permanecer no campo por 5-7 dias, visando reduzir a umidade das sementes na faixa de 8-10% (BOLONHEZI, 2013). O excesso de umidade nos grãos favorece a germinação ainda nas vagens, reduzindo a qualidade ou favorecendo a ocorrência de espécies do gênero *Aspergillus*, que produzem aflatoxina, um metabólito tóxico para mamíferos por ter ação carcinogênica, imunossupressora (redução da ativação ou eficácia do sistema imunológico) e hepatotóxica (toxicidade hepática) em células humanas (BOLONHEZI, 2013; OJIEWO et al., 2020). As espécies produtoras dessa toxina são *A. flavus*, *A. paradisicus* e *A. niger*. Não há variedades resistentes ao fungo, de modo que a colheita praticada em períodos secos, associados com secagem completa das vagens e armazenamento adequado se constituem em práticas adequadas para obtenção de amendoim com qualidade.

A germinação das sementes de amendoim nos acessos da subesp. *fastigiata* acontece entre 4 a 6 dias após o plantio (SANTOS et al., 1997a), permanecendo elevada (acima de 90%) desde que seja bem acondicionada, após o beneficiamento. Nos acessos da subsp. *hypogaea*, a maioria das sementes possui dormência fisiológica, podendo emergir num período de 7 a 15 dias, após o plantio (SANTOS et al., 1997a; SILVA et al., 2017). Para ambientes com disponibilidade hídrica regular, essa característica é interessante porque a planta pode continuar preenchendo os frutos ainda imaturos sem o risco de germinação daqueles já maduros (NOGUEIRA et al., 2013); em ambientes de escassez hídrica, contudo, a dormência torna-se um problema para o manejo uma vez que acarreta irregularidades no desenvolvimento da plântula causando desuniformidade na colheita (SANTOS et al., 2013).

A dormência fisiológica é uma característica que pode ser de curto a longo prazo (SILVA et al., 2017). Quando é curto, o lapso na germinação é de poucos dias, geralmente não atrapalhando o desenvolvimento fisiológico das plântulas, porém quando a dormência é longa e a semente já se encontra no solo, a emergência pode ser

comprometida ou pela alta temperatura do solo ou pelo excesso de umidade que pode favorecer a ocorrência de patógenos.

De acordo com alguns autores (FINCH-SAVAGE e LEUBNER-METZGER 2006; CARDOSO, 2009; SILVA et al., 2017), o processo de dormência de sementes é regulado pela biossíntese do ácido abscísico (ABA), onde o pico de produção do ABA coincide com o declínio no nível de giberelina (GA). O ABA é responsável por induzir dormência durante a maturação, já a GA desempenha papel fundamental na liberação da dormência e na promoção da germinação. Vários genes são responsáveis pela regulação destes hormônios, como *ABA 1* (*ABA deficiente 1*), *DOG 1* (*DELAY OF GERMINATION 1*), *ERF 9* (*ETHYLENE RESPONSE FACTOR*) e *NCED 4* (*NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 4*), entre outros. Embora existam vários genes envolvidos, o *NCED* tem sido um dos mais reportados e já foi identificado em várias culturas como tomate (*Solanum lycopersicum*), feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), abacate (*Persea americana*), laranja (*Citrus sinensis*), amendoim, entre outros, por atuar na regulação de síntese de ABA.

Em amendoim, Silva et al. (2017) testaram a expressão dos genes *ARP*, (*AUXIN REPRESSED PROTEIN*) *DMRI* (*DORMANCY-ASSOCIATED GENE 1*) e *NCED* em acessos das subesp. *fastigiata* e *hypogaea*, usando tecidos do cotilédone e embrião. Os autores encontraram maior expressão dos genes *NCED* e *ARP* nos tecidos embrionários dos genótipos rasteiros, que possuem dormência nas sementes, enquanto que *DMRI* foi encontrado no endosperma de genótipos do tipo ereto. Foi sugerido que *NCED* é um marcador molecular que pode ser usado para identificar dormência em sementes, podendo contribuir para seleção de genótipos rasteiros no melhoramento do amendoim.

Independentemente do problema de dormência, o teor de óleo pode influir no poder germinativo das sementes de amendoim, dependendo das condições de armazenamento. Sementes com percentual superior a 48% são mais vulneráveis ao ranço oxidativo, que é a causa mais comum de perda de qualidade do óleo a ser comercializado (SILVA et al., 2017). No geral, os grãos de amendoim possuem entre 40% e 60% de óleo (FREIRE et al., 2013; JANILA et al., 2016). Desse total, 41% e 38% correspondem aos ácidos oleico e linoleico, respectivamente (SANTOS et al., 2012). A relação entre estes ácidos confere a estabilidade oxidativa, que se refere à capacidade do óleo apresentar maior vida de prateleira e, conseqüentemente, maior

resistência à rancificação. A alta concentração de ácido oleico no amendoim é uma vantagem para qualidade do óleo voltado para segmento industrial e também para processamento dos produtos dele derivados, os quais podem ter vida útil 10 vezes maior do que os obtidos com óleo baixo oleico (OJIEWO et al., 2020).

Após a secagem completa, a semente fixa a cor da película, que pode apresentar várias tonalidades (Figura 3), sendo a vermelha e bege as mais comuns, comercialmente. Sementes da subespécie *fastigiata* são de tamanho médio e a coloração depende do tipo botânico; as do tipo Valência são frequentemente vermelhas e as do tipo Spanish são bege. No caso dos acessos da subespécie *hypogaea*, as sementes são longas ou extra-longas, com coloração vermelha para os tipos Runner e bege para Virgínia (SANTOS et al., 2013).



Figura 3. Gradação de cor das películas de amendoim nos acessos da coleção de amendoim gerenciada pela Embrapa. Foto: Roseane C. Santos, Embrapa Algodão.

2.2 Importância econômica

O amendoim é um alimento de alto valor alimentar. Os grãos são ricos em óleo, proteínas e vitaminas, podendo ser consumidos de forma *in natura* ou processado. Trata-se da quinta oleaginosa mais cultivada mundialmente, com produção de aproximadamente 46.8 milhões de t de grãos, colhidos em 27,8 milhões de ha na safra 2019/20 (USDA, 2020), sendo China (38,5%), Índia (13,6%), Nigéria (7,7%), Estados Unidos (5,5%) e Sudão (3,0%) os principais países produtores. Na Tabela 2 se apresenta a produção global das seis principais oleaginosas durante os últimos quatro anos. No geral, percebe-se que a produção se mantém equilibrada, com maior volume da soja,

seguida de canola, girassol e amendoim, que detém quase 8% da produção mundial de óleo (USDA, 2020).

Para safra de 2020/21, há uma estimativa de área de 6,0 milhões de ha na Índia, com produção de 7,3 milhões de ha de grãos; a China, com área menor, 4,6 milhões de ha, abastece os mercados com 18,9 milhões de toneladas de grãos (USDA 2020).

Tabela 2. Evolução na produção mundial de óleos (em milhões de toneladas).

Culturas	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	Agosto 2020/21	(%)
Algodão	38.98	45.09	43.11	44.76	43.0	7.11
Palma	17.85	19.39	20.17	19.95	20.38	3.37
Amendoim	45.26	47.09	47.09	46.11	46.96	7.76
Canola/Colza	69.49	75.02	72.61	68.20	68.11	11.26
Soja	349.47	341.53	360.21	337.28	670.4	61.25
Girassol	48.23	47.85	50.59	55.04	55.8	9.22
Total	569.2	575.9	593.4	571.3	604.65	100.0

Fonte: USDA- Foreign Agricultural Service (2020d).

A América do Sul, provável centro de origem da espécie, responde por 4% da produção mundial de grãos, representadas pela Argentina (1,3 mil t) e Brasil (545 mil t) (USDA, 2020). No ranking mundial, o Brasil ocupa a 16ª posição na produção de grãos, com produção concentrada na região Centro-Sul, principalmente no estado de São Paulo que responde por 95% da produção nacional, com 153.379 ha de área plantada (IBGE, 2020).

Os grãos de amendoim são altamente calóricos; possui cerca de 560 kcal para cada 100 g, sendo aproveitado em várias opções de consumo nos segmentos alimentício e oleoquímico (FREIRE et al, 2013). No aspecto nutricional, possuem cerca de 26% a 32% de proteínas e 40% a 55% de óleo, principalmente ômega-3 e ômega-6, além de vitaminas do complexo B (tiamina, riboflavina, niacina) e vitamina E, e sais minerais (FREIRE et al., 2013; OJIEWO et al., 2020). Além desses nutrientes, os grãos de

amendoim, especialmente os de película vermelha, são ricos em polifenóis, que são metabolitos capazes de eliminar os radicais livres e diminuir o efeito nocivo do estresse oxidativo. (JULIANO et al., 2019). De acordo com Ojiewo et al. (2020), a Organização Mundial de Saúde das Nações Unidas estimula o consumo de alimentos à base de amendoim para tratamento da desnutrição, baseado na riqueza dessa oleaginosa para consumo in natura ou processado.

Na forma processada, o amendoim é amplamente utilizado para produção de manteiga, pasta, balas, entre outros. A farinha é rica em proteínas e aproveitada na indústria alimentícia para fabricação de bolos, tortas e paçoca (MELO FILHO e SANTOS, 2010), e ainda para elevar o valor nutricional do pão em países em que a produção de trigo é insuficiente (ARYA et al., 2016).

Em 2001 foi criada a Associação Brasileira de Indústrias de Chocolates, Cacau e Amendoim (ABICAB), que tem como um dos objetivos manter a qualidade dos produtos industrializados. A ABICAB representa 62% do mercado de amendoim, fomentando o Programa Pró-Amendoim que garante a segurança e qualidade alimentar dos produtos oferecidos. As empresas que possuem o selo “Qualidade Certificada Pró-Amendoim-ABICAB” tem certificação que atendem a todos os requisitos da legislação em relação aos níveis de aflatoxina com produção de grãos totalmente seguros (ABICAB, 2020).

2.3 Variabilidade genética em acessos interespecíficos de amendoim

A diversidade genética entre acessos de *A. hypogaea* é frequentemente mais limitada quando os estudos focam entre acessos da mesma subespécie, e que não sofreram alterações no processo genealógico. Essa limitação é devida, especialmente, a natureza autógama da espécie, potencializada pela cleistogamia que assegura pureza varietal ao longo dos ciclos de reprodução. Pozzi et al. (2014) inclui a essa limitação o fato da espécie ter se originado de um ou poucos eventos de hibridação relativamente recentes em termos evolutivos, além dos processos de seleção frequentemente adotados nos trabalhos de melhoramento genético.

O conhecimento da variabilidade genética dentro de populações é fundamental para possíveis planejamentos das estratégias a serem adotadas em programas de

melhoramento em espécie autógama. Por vezes torna-se difícil escolher quais genótipos deverão ser usados como genitores nos trabalhos de cruzamento, baseando-se em descritores específicos. A análise das relações genéticas entre acessos divergentes pode ser um aliado para classificação dos genótipos com possível utilidade para fins de melhoramento (FERGUSON, 2004).

A escolha do descritor é o fator primordial para se conseguir diferenciar acessos assemelhados. Quanto maior o número de descritores adotados, maior é a segurança em atestar a similaridade ou dissimilaridade dos materiais estudados. Estes variam em função da espécie estudada, mas, no geral, os biológicos são os mais usados.

Vários autores adotam diversas metodologias de agrupamento para estimar a similaridade genética em espécies vegetais onde a adoção do método adequado depende das características discriminantes e do nível de variabilidade genética da população estudada. Com relação aos modelos de análise, os métodos multivariados têm sido de grande contribuição aos melhoristas e curadores de coleção porque permitem a classificação e identificação de genótipos potencialmente úteis para o melhoramento genético (RAMOS et al., 2015). Entre os mais adotados, citam-se os modelos hierárquicos, onde os acessos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até seja estabelecido um dendograma e os não hierárquicos, os quais não possuem uma ordem parcial sendo representados por técnicas de projeção bi ou tridimensional (CRUZ et al., 2020).

O principal objetivo da avaliação da divergência genética é agrupar genótipos similares em que as maiores diferenças estejam entre os grupos formados. Para isto, podem ser aplicadas técnicas multivariadas como variáveis canônicas e análise de agrupamento, sendo a adoção destas de acordo com o resultado desejado. A análise de divergência genética por variáveis canônicas consiste em transformar um conjunto original de variáveis em um conjunto de dimensão equivalente, onde cada variável canônica é uma combinação das variáveis originais, possibilitando a identificação de indivíduos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensional (CRUZ et al., 2020).

No processo de agrupamento duas etapas estão envolvidas: a) estimativa da dissimilaridade entre os genótipos por meio de uma medida preestabelecida e b) adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos. Entre os métodos de agrupamento utilizados destaca-se o hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group

Method with Arithmetic Mean), no qual os acessos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até seja estabelecido o dendograma, sendo interpretado por meio da “árvore” e das ramificações obtidas (CRUZ et al., 2020).

Outro método de agrupamento bastante usado no melhoramento é o de otimização de Tocher, que requer a obtenção da matriz de dissimilaridade através do critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (CRUZ et al., 2020). A dispersão gráfica é utilizada na avaliação da diversidade dentro de um conjunto de genótipos. De acordo com Cruz et al. (2020), o fato questionável nas análises baseadas em dispersão gráfica é a dificuldade do estabelecimento de grupos de similaridade de forma menos subjetiva, com base na simples inspeção visual da dispersão, podendo ter perdas de informações no grau de dissimilaridade. Desta forma, são de extrema importância a análise através dos dois métodos de dispersão gráfica e agrupamento.

As técnicas de dispersão gráfica usadas no melhoramento são componentes principais e variáveis canônicas. A técnica de componentes principais é aplicada quando as variáveis são reduzidas e as informações são individuais de cada acesso sem necessidade de repetição. Já a técnica de variáveis canônicas baseia-se em informações entre e dentro dos acessos, havendo a necessidade de repetições (CRUZ et al., 2020).

Várias metodologias têm sido disponibilizadas na literatura para estimar a variabilidade entre populações de natureza autógama, com base nas análises multivariadas. Com amendoim, a coleção mantida pela Embrapa Algodão tem sido alvo de vários estudos com descritores diversificados, utilizando-se métodos multivariados hierárquicos e não hierárquicos. Ramos et al. (2015) estimaram a diversidade genética entre 77 acessos da subesp. *fastigiata*, usando tipos Valência e Spanish, baseando-se em 19 descritores agrônômicos, morfológicos e fisiológicos. Por meio dos métodos de otimização de Tocher, UPGMA e componentes principais, os autores identificaram cinco grupos distintos de larga contribuição para os trabalhos de melhoramento da cultura, inclusive diferenciando populações precoces e tolerantes a seca, que podem ser referendados como genitores em trabalhos de cruzamento. Em outro trabalho nessa mesma coleção, Silva et al. (2016) estimaram a divergência genética entre 13 acessos da subesp. *hypogaea* usando os métodos de variáveis canônicas e UPGMA, com base em 10 descritores morfoagronômicos. Apesar da larga uniformidade genética dos acessos,

os autores conseguiram diferenciar grupos de precoces e de alta produtividade, demonstrando o suporte dessas análises nos trabalhos de classificação de germoplasma.

A grande vantagem dos métodos multivariados é que, mesmo em populações estreitas, é possível identificar acessos divergentes, desde que a quantidade de descritores seja representativa. Neyra et al. (2017) estimaram a divergência genética em apenas seis acessos de amendoim dos tipos Virgínia e Spanish oriundos de Burquina, Senegal e EUA, baseando-se em 20 descritores morfoagronômicos. Por meio de análise de componentes principais e UPGMA, os autores identificaram grupos distintos quanto à tolerância e susceptibilidade a mancha castanha (*Cercospora arachidicola* Hori), cujos acessos podem ser recomendados para trabalhos de melhoramento visando tolerância a cercosporiose.

Além dos descritores mensuráveis, as análises multivariadas também são responsivas quando se adota dados binários, como os de origem molecular. Pozzi et al. (2014) estimou a variabilidade genética entre 25 acessos das subesp. *hypogaea* e *fastigiata* usando 23 marcadores SSR. Por meio das análises de componentes principais e UPGMA, os autores conseguiram discernir claramente os dois tipos botânicos mostrando que, por não estarem sujeitos a variações ambientais, esses marcadores são bastante contributivos para caracterização em nível de subespécie.

Considerando-se que a introdução de acesso nas coleções é um processo dinâmico, é imprescindível que os atributos das coleções sejam conhecidos e atualizados de modo a favorecer o andamento dos trabalhos de pesquisa que, via de regra, focalizam na identificação de materiais superiores para atender os trabalhos de melhoramento visando síntese de cultivar.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Germoplasma e condução experimental

Onze acessos de *A. hypogaea* cedidos pela Universidade Federal do Ceará foram avaliados nesse estudo para posterior incorporação a coleção de amendoim da Embrapa Algodão e ao sistema ALELO da Embrapa. Uma síntese dos dados de passaporte se encontra na Tabela 3. Os acessos foram semeados em casa de vegetação, em Campina Grande, PB (7°13'50''S, 35°52'52''W, 551m). O experimento foi conduzido no período de Out/2019 a Jan/2020.

O plantio foi feito em vasos (30 L), contendo substrato (Basaplant: turfa, rocha calcária, vermiculita, carvão vegetal, rocha fosfática e casca de pinus), suplementado com esterco bovino (100 g/vaso). Cada vaso conteve uma planta, que constituiu a unidade experimental. O delineamento foi inteiramente casualizado com três repetições. A prevenção de pragas foi feita por meio de extrato aquoso contendo manjerição a 15% (MARTINS et al., 2016), suplementado com calda de fumo a 5% e detergente neutro a 1% (EMBRAPA, 2006), aplicado semanalmente. As regas foram diárias mantendo a umidade do solo próxima à capacidade de pote (SOUZA et al., 2000), adotada como o conteúdo de água retida pelo solo após sofrer saturação por capilaridade e consequente ação da gravidade, até o cessamento visual da drenagem. Os registros de temperaturas máxima e mínima, e da umidade relativa do ar no interior da casa de vegetação foram feitos diariamente. A representação em decêndios se encontra na Figura 4.

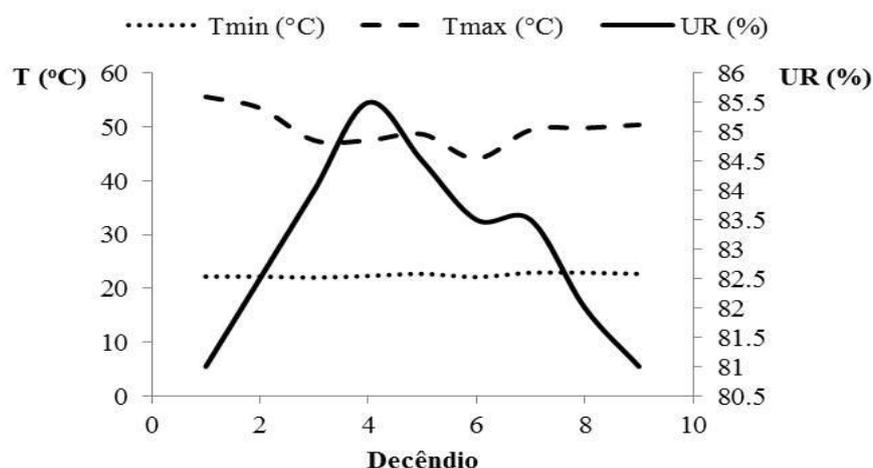


Figura 4. Temperatura (T_{\min} e T_{\max}) e umidade relativa do ar (UR) registradas durante o ciclo do amendoim, em casa de vegetação.

A colheita ocorreu quando as vagens estavam completamente maduras, observadas por amostragens em plantas individuais a partir dos 75 dias após a emergência (dae). As variáveis coletadas nos acessos foram separadas em a) agronômicas: Altura da planta (AP), Número de vagens/planta (NV), Peso das vagens (PV), Peso de 100 vagens (P100V), Peso de 100 sementes (P100S), Peso seco da planta (PP), Peso fresco da planta (PF), e b) fisiológicas: Início da floração (IF), Número total de ginóforos (NG), Número total de flores (NF), Duração da floração (DF) e Maturação completa das vagens (MCV). A duração da floração foi estimada baseada no início da floração até o dia da colheita, identificando assim a quantidade de dias que as plantas floraram. Baseado em algumas dessas variáveis, estimou-se o Índice de colheita ($IC \% = PV/PP \cdot 100$, Coffelt et al., 1989), Eficiência reprodutiva baseada nas flores ($Erf \% = NV/NF \cdot 100$, Coffelt et al., 1989), Eficiência reprodutiva baseada nos ginóforos ($Erg \% = NV/NG \cdot 100$, Santos et al., 1997b) e Viabilidade das flores ($VF \% = NG/NF \cdot 100$).

Tabela 3. Dados de passaporte dos acessos de amendoim.

Ordem	Acesso	Código do acesso	Ano de entrada	Origem	Tipo botânico	Cor da película
1	G.D.M.	EAC-011	1984	Índia	Valência	Vermelha
2	G.D.M-MUT-1	EAC-026	1984	Índia	Valência	Vermelha
3	Georgia	EAC-039	1984	EUA	Spanish	Bege
4	Dixie-Spanish	EAC-041	1984	EUA	Spanish	Bege
5	PI 268-689	EAC-040	1984	EUA	Spanish	Bege
6	Dwarf	EAC-076	1986	Brasil	Valência	Vermelha
7	AHK-85-3	EAC-095	1990	Senegal	Spanish	Bege
8	Feuri-11	EAC-101	1996	Senegal	Spanish	Bege
9	55114	EAC-099	1996	Senegal	Spanish	Bege
10	SR-1-4	EAC-100	1996	Senegal	Spanish	Bege
11	R-31-1	EAC-058	1984	Índia	Spanish	Bege

A floração foi registrada diariamente a partir do surgimento da primeira flor até a data da colheita em todas as plantas.

3.2 Análise estatística

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o Software GENES versão 1990.2018.71 (CRUZ, 2013). Os dados foram previamente submetidos ao teste de Lilliefors para verificação da normalidade. Para análise univariada, adotou o teste F para ANOVA e Scott-Knott para comparação das médias. Para análise multivariada foram adotados dois métodos, baseando-se em modelos hierárquico (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages, UPGMA) e não hierárquico (Variáveis canônicas, VC), com fins de atestar a coerência dos agrupamentos formados. A Distância de Mahalanobis (D^2) foi adotada para estimativa da similaridade genética entre acessos.

Finalmente, foram procedidas análises de correlação genotípica (R_g) e fenotípica (R_f) baseando-se nos descritores que revelaram diferença estatística na análise de variância.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise univariada das variáveis de amendoim

A análise de variância (ANAVA) revelou diferença estatística significativa para a maioria das variáveis ($p < 0,01$), com exceção para IF, DF e MCV (Tabela 4), indicando que, por se tratar de um pequeno grupo de acessos da mesma subespécie, as diferenças fisiológicas entre eles não foram suficientes para discrimina-los quanto à precocidade para floração e maturação das vagens. As médias dessas variáveis foram 25,66, 47,78 e 90,42, respectivamente, confirmando que todos os acessos se apresentaram como precoces, no aspecto reprodutivo (SANTOS et al., 2013).

A classificação das médias se encontra na Tabela 5. Apesar da uniformidade fenotípica da maioria dos acessos, verificou-se, de maneira geral que resultados interessantes foram encontrados, que podem ser promissores para um programa de melhoramento focando em germoplasma precoce, dos tipos Valencia e Spanish. Os acessos PI-268-689 e AHK-85-3, por exemplo, agregaram características agrônômicas relevantes, tais como NV, PV, Erg e IC, com médias dos dois acessos de 38,1, 33,5, 55,6 e 48,4, superando a média geral dos acessos em 64%, 33%, 21% e 20%, respectivamente. A amplitude das medias de cada descritor demonstrados nessa tabela revela que há suficiente variabilidade para ser explorada em trabalhos de melhoramento, baseando-se nos elevados percentuais encontrados, que variaram entre 153% (P100V) a 324% (AP).

Tabela 4. Resumo da análise de variância para os acessos de amendoim.

FV	GL	Quadrados médios											
		AP	IF	DF	NV	PV	P100V	P100S	VF	Erg	Erg	IC	MCV
Tratamento	10	217,3**	5,13 ^{ns}	42,68 ^{ns}	196,21**	98,45**	769,88**	47,29**	823,83**	275,79**	212,44**	122,61**	1,47 ^{ns}
Resíduo	22	30,83	4	35,66	6,87	9,93	22,78	4,43	31,39	18,54	6,18	13,68	0,78
Média		32,56	25,66	47,78	23,21	25,19	116,82	48,81	57,29	45,87	26,63	40,15	90,42
CV (%)		17,05	7,79	12,49	11,29	12,51	4,08	4,31	9,77	9,38	9,33	9,21	0,98

** - significativo (Teste F, $p < 0,01$), ^{ns} – não significativo, FV - fonte de variação, GL - grau de liberdade, AP- altura da planta (cm), IF- início da floração (dias), DF- duração da floração (dias), NV- número de vagens/planta, PV- peso das vagens/planta (g), P100V- peso de 100 vagens (g), P100S- peso de 100 sementes (g), VF- viabilidade das flores, Erg- eficiência reprodutiva baseada em número de ginóforos (%), Erf - eficiência reprodutiva baseada na quantidade de flores (%), IC- índice de colheita (%), MCV- maturação completa das vagens.

A eficiência reprodutiva (ER) dos acessos, um descritor bastante relevante para estimar a capacidade de produção de vagens, foi considerada satisfatória, apesar de se tratar de acessos da subespécie *fastigiata* que, frequentemente apresentam eficiência reprodutiva na faixa de 30% a 40% (CONAGIN e CONAGIN, 1960; COFFELT et al., 1989; SANTOS et al., 1997b; SANTOS et al., 2000; LUZ et al., 2010). Nesse trabalho a ER foi estimada baseando-se no total de flores produzidas pelos acessos (ERf) e pelo total de ginóforos (ERg) que geraram vagens. Como o fruto do amendoim é de natureza hipógea, essas estimativas norteiam o melhorista se a viabilidade das flores e o desenvolvimento dos ginóforos estão ocorrendo naturalmente. ERf abaixo de 30% é um indicativo de que a planta não está aproveitando efetivamente suas flores, ou pela altura das gemas floríferas se situarem acima de 1/3 da haste principal, ou por problemas nutricionais; no caso de ERg, valores abaixo de 40% geralmente estão relacionados a maior altura da planta que inviabiliza a sobrevivência do óvulo fertilizado, até que a extremidade do ginóforo penetre o solo (SANTOS et al., 2013).

Nesse estudo, as médias de ERg e ERf foram de 45% e 27%, destacando-se os acessos PI-268-689, Dwarf, AHK-85-3, Feuri-11 e SR-1-4 que apresentaram valores médios superiores a 51% e 31%, respectivamente, sendo considerados os recursos genéticos mais indicados para uso em trabalho de melhoramento visando produção de vagens e precocidade. Na literatura os relatos de ER são baseados no número de ginóforos e se situam em 35% para os acessos *hypogaea* e 25% para os *fastigiata* (SANTOS et al., 1997b). Luz et al. (2010) estimaram a ERg em linhagens F₂ resultante de cruzamento entre CNPA 280 AM x BR 1, F₁ e encontraram valor médio de 34%. Esse valor superou em 19% a média dos progenitores, indicando que a população gerada é promissora e que a eficiência reprodutiva pode ser um critério de seleção nas fases posteriores. Sousa et al. (2020) avaliaram a ERg em sete acessos eretos e semieretos de variedades crioulas, coletadas nas áreas de agricultores do Ceará e obtiveram média baixa, na faixa de 21%, sendo possivelmente devido a baixa variabilidade dos acessos já que os mesmos foram coletados na mesma região geográfica.

Apesar da dificuldade de se estimar essa variável, trata-se de um descritor de grande valia para o melhoramento da cultura, até porque, como a altura da planta tem correlação negativa com a produção de vagens em espécies eretas, essa tendência pode ser alterada quando a base genética da planta contém germoplasma interespecífico (SANTOS et al., 2013).

Tabela 5. Média e percentual da amplitude das variáveis nos acessos de amendoim crescidos em casa de vegetação.

Acesso	AP	NV	PV	P100V	P100S	VF	Erg	Erf	IC
G.D.M	43 a	16 c	22 c	133 a	51 a	48 d	42,47 b	21,55 c	39,59 c
G.D.M-MUT-1	13 e	14 c	17 d	94 d	42 c	63 c	46,76 b	32,57 b	38,76 c
Georgia	22 d	20 b	20 c	109 c	47 b	43 d	42,81 b	19,38 c	38,93 c
Dixie-Spanish	38 b	22 b	22 c	122 b	50 a	44 d	39,51 b	17,69 c	31,69 d
PI-268-689	31 c	36 a	39 a	113 c	48 b	37 d	58,92 a	32,94 b	51,71 a
Dwarf	37 b	20 b	26 b	124 b	51 a	70 b	52,50 a	39,27 a	45,30 b
AHK-85-3	38 b	40 a	27 b	87 d	41 c	59 c	52,30 a	32,85 b	45,13 b
Feuri-11	30 c	24 b	26 b	128 b	51 a	74 b	51,64 a	38,37 a	41,92 c
55114	35 b	24 b	22 c	131 a	52 a	39 d	43,47 b	16,94 c	42,25 c
SR-1-4	36 b	17 c	26 b	104 c	46 b	59 c	51,44 a	31,74 b	37,86 c
R-31-1	30 c	19 c	27 b	134 a	53 a	90 a	22,82 c	20,60 c	28,50 d
AM (%)	324	275	226	153	129	240	258	231	181

AP- Altura da planta (cm), NV- número de vagens maduras por planta, PV- peso das vagens/pl (g), P100V- peso de 100 vagens (g), P100S- peso de 100 sementes (g), VF- viabilidade das flores, Erg- eficiência reprodutiva baseada em número de ginóforos (%), Erf - eficiência reprodutiva baseada na quantidade de flores (%), IC- índice de colheita (%). Médias com letras iguais não diferem estatisticamente (teste Scott-Knott, $p < 0,05$). AM- Amplitude da média, baseada na variação da menor até a maior média de cada descritor.

4.2 Análise multivariada dos acessos de amendoim

A diversidade genética dos onze acessos, estimada pelo UPGMA se encontra na Figura 5. O dendrograma foi gerado usando 5000 bootstrels, com coeficiente de correlação cofenética de 0.79. Três grupos (G) foram formados, com as seguintes composições: G1- Dwarf, Feuri-11, G.D.M-MUT-1 e SR-1-4, G2- Dixie-Spanish, 55114, Georgia, G.D.M e R-31-1 e G3- PI-268-689 e AHK-85-3. Percebe-se que no G3 se encontra os dois acessos mais completos, em termos de produção de vagens e eficiência reprodutiva.

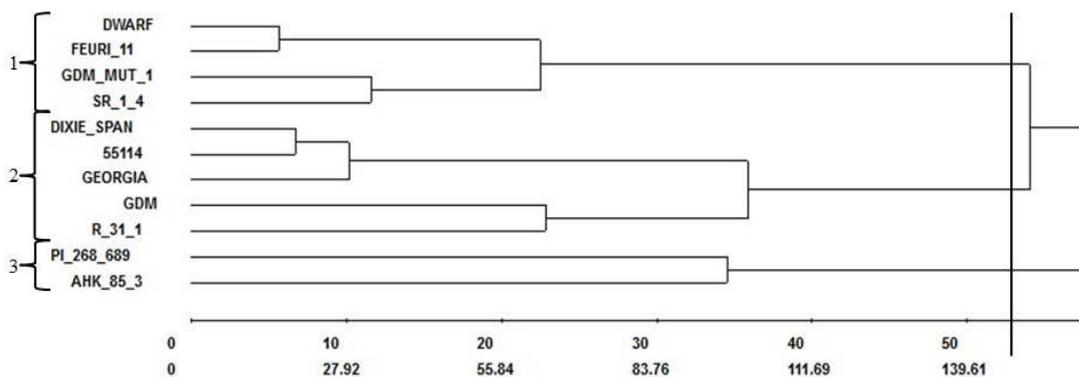


Figura 5. Dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade de 11 acessos de amendoim. Linha vertical representa o corte para seleção baseando-se no índice de dissimilaridade superior a 55%.

A análise por meio das variáveis canônicas (VC) foi realizada para atestar os resultados vistos via UPGMA, servindo de resposta complementar uma vez que a natureza genética dos acessos é desconhecida. Na Tabela 6 se encontram os autovalores, valores de variação individuais (%) e variação acumulada obtidos pela análise das VCs. Verifica-se que os dois primeiros VC explicaram 79.93% da variância total, indicando que a variabilidade dos acessos pode ser representada no plano bidimensional. As variáveis de maior peso e que expressam maior importância relativa no estudo de diversidade dos acessos foram NV e P100V, indicando que estes descritores foram mais responsivos na formação dos grupos.

Tal como visto na Figura 5, os três grupos também foram performados nessa análise (Figura 6), indicando coerência dos agrupamentos, baseando-se nos números de acessos e descritores adotados.

Tabela 6. Estimativa de variância (valores próprios e variação acumulada) das variáveis canônicas para nove caracteres de amendoim.

Variável Canônica	Valor próprio	%	Variação acumulada
VC1	48,83	58,49	58,49
VC2	17,89	21,43	79,93
VC3	8,79	10,53	90,47
VC4	3,35	4,02	94,49
VC5	2,51	3,0	97,50
VC6	1,39	1,67	99,17
VC7	0,62	0,75	99,93
VC8	0,05	0,06	99,99
VC9	0,006	0,007	100,00

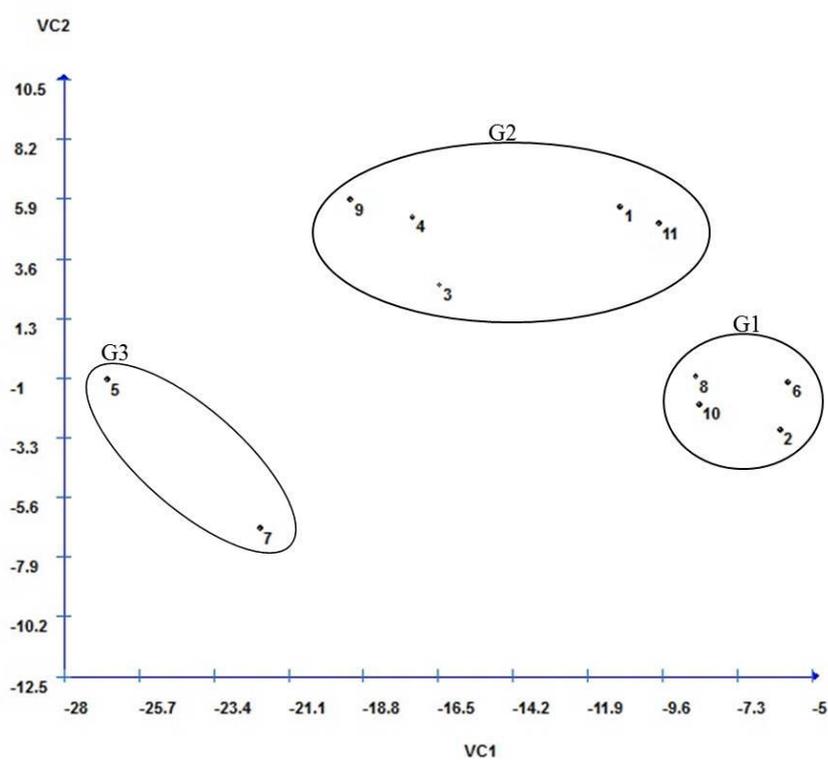


Figura 6. Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas, com base em nove descritores agrônômicos obtidos nos onze acessos de amendoim. 1- G.D.M, 2- G.D.M-MUT-1, 3- Georgia, 4- Dixie-Spanish, 5- PI 268-689, 6- Dwarf, 7- AHK-85-3, 8- Feuri-11, 9- 55114, 10- SR-1-4, 11- R-31-1.

4.3 Correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis de amendoim

As correlações fenotípica e genotípica (Tabela 7) foram estimadas visando prever quanto da escolha de um descritor pode afetar os demais no decurso da seleção. De modo geral, verifica-se que os valores da r_f foram inferiores aos da r_g , indicando que, embora haja um alto grau de associação entre as duas variáveis no nível genotípico, a expressão fenotípica foi deflacionada pela influência ambiental. Esta deflação pode ter ocorrido porque o ambiente onde foi desenvolvido o experimento foi completamente controlado (casa de vegetação) e todas as plantas sofreram as mesmas condições em relação a regas, temperatura e nutrição.

Correlações positivas e de alta magnitude foram encontradas em NV x PV (0.75), P100V x P100S (1.0) e Erg x IC (0.91), enquanto que as de média magnitude foram obtidas para NV x Erg (0.49), PV x IC (0.57) e NV x IC (0.65). Esses resultados indicam que a seleção para qualquer descritor dessas combinações, resultará em correspondente elevação da média do outro.

Um benefício desse resultado para o melhorista é a seleção de plantas baseando-se na Erg porque esse descritor, embora muito responsivo, é laborioso e envolve atenção do operador não só na contagem dos ginóforos remanescentes na haste e ramos laterais mas também aqueles que foram destacados da planta, na ocasião da colheita. No caso do IC, a estimativa é mais simples porque se baseia no peso seco de toda planta, registrado após a secagem total dos tecidos.

Na literatura, a adoção desses descritores em estudos de correlação não é extensa, porém alguns corroboram com as tendências obtidas nesse trabalho. Santos et al. (2000) realizaram um estudo de correlação usando 20 acessos dos tipos Valência e Spanish, e encontraram correlação positiva e de média magnitude para NV x ERg (0.57), confirmando que a produção de vagens e ginóforos são positivas em ambos tipos botânicos. Nesse sentido, a seleção focada no número e peso das vagens, de maneira geral, irá proporcionar genótipos mais promissores no aspecto produtivo. Babariya e Dobariya (2012) estimaram as correlações fenotípicas e genotípicas numa população composta de 100 acessos do tipo Spanish, baseando-se em 15 descritores e obtiveram valores próximos para os dois tipos, sendo positivo e de alta magnitude para PV x IC (0.84), P100V x IC (0,61) e AP x IC (0.74), e de média magnitude para NV x IC (0.39).

Esses resultados demonstram que os descritores PV e NV são amplamente responsivos em trabalhos de melhoramento, em situações em que o IC não possa ser estimado. Deve-se ressaltar, contudo, que o sentido e magnitude das correlações variam em função da população estudada. Quando se envolve populações segregantes, é comum se esperar tendências divergentes em função do tipo de herança que envolve o parental mais dominante. Memon et al. (2019) usaram dados de quatro populações F₂, resultantes de cruzamentos entre parentais das subespécies *hypogaea* e *fastigiata*, e encontraram valores variados, dentro das mesmas combinações de descritores. Os valores para NV x IC variaram entre 0.45 a 0.65, enquanto PV x IC variaram entre 0.43 a 0.88, sendo essas variações resultantes da base genética dos parentais envolvidos nos cruzamentos.

Tabela 7. Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) entre descritores de amendoim.

		NV	PV	P100V	P100S	VF	Erg	Erf	IC
AP	R_f	0.26	0.28	0.37	0.36	-0.15	0.08	-0.08	0.1
	R_g	0.28	0.32	0.39	0.43	-0.16	0.07	-0.08	0.13
NV	R_f		0.72**	-0.33	-0.33	-0.26	0.45*	0.03	0.60**
	R_g		0.75**	-0.34	-0.33	-0.28	0.49*	0.02	0.65**
PV	R_f			0.1	0.12	-0.16	0.30	-0.14	0.50**
	R_g			0.1	0.14	-0.18	0.33	-0.16	0.57**
P100V	R_f				0.99**	0.11	-0.46	-0.34	-0.28
	R_g				1.0**	0.12	-0.49	-0.35	-0.3
P100S	R_f					0.17	-0.46	-0.31	-0.29
	R_g					0.18	-0.51	-0.34	-0.36
VF	R_f						-0.38	0.53	-0.40
	R_g						-0.37	0.55	-0.40
ERg	R_f							0.52	0.87**
	R_g							0.52	0.91**
ERf	R_f								0.33
	R_g								0.33

* - Significante a 5%, ** - Significante a 1% pelo método de *bootstrap* com 5000 simulações, AP- altura da planta (cm), NV- número de vagens maduras por planta, MSVg- massa seca das vagens/pl (g), P100Vg- peso de 100 vagens (g), P100St- peso de 100 sementes (g), VF- viabilidade das flores; Erg- eficiência reprodutiva baseada em número de ginóforos (%), Erf- eficiência reprodutiva baseada em número de flores (%), IC- índice de colheita (%).

5. CONCLUSÕES

Cinco acessos, PI-268-689, AHK-85-3, Dwarf, Feuri-11 e SR-1-4 se revelaram como mais promissores baseando-se nos conjunto de dados que focalizam na eficiência reprodutiva e índice de colheita, representando 45% da população aqui estudada. Esse percentual é representativo porque mostra o quanto esta população pode ser promissora em programas de melhoramento baseado em seleções para aumento de produção. O cruzamento entre acessos do G1 (Dwarf, Feuri-11, G.D.M-MUT-1 e SR-1-4) com o G3 (PI-268-689 e AHK-85-3) podem contribuir para elevar a eficiência reprodutiva da população, podendo assim usar os descritores que foram mais representativos nesse estudo (NV, PV, Erg e IC) para nortear os procedimentos de seleção.

REFERÊNCIAS

ABICAB - Associação Brasileira da Indústria de Chocolates, Amendoim e Balas. **Apresentação da associação**. Disponível em: <<http://www.abicab.org.br/>>. Acesso em: 28 de set. 2020.

ALELO – Banco de dados ativo de germoplasma vegetal. **Acessos - *Arachis hypogaea* L.** 2020. Disponível em: <<http://alelobag.cenargen.embrapa.br/AleloConsultas/Passaporte/buscaNcBancos.do?idn=33958>>. Acesso em: 08 de ago. 2020.

ARYA, S. S.; SALVE, A. R.; CHAUHAN, S. Peanuts as functional food: a review. **Journal of Food Science and Technology**, v.53, n.1, p.31-41, 2016.

BABARIYA, C. A.; DOBARIYA, K. L. Correlation coefficient and path coefficient analysis for yield components in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.3, n.3, p.932-938, 2012.

BOLONHEZI, D. Colheita e pós-colheita do amendoim. IN: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA Algodão, 2013, p 239-254.

CARDOSO, J. V. M. Conceito e classificação da dormência em sementes. **Oecologia Brasiliensis**, v.13, n.4, p.619-631, 2009.

COFFELT, T. A.; SEATON, M. L.; VANSKOYOC, S. W. Reproductive efficiency of 14 virginia-type peanut cultivars. **Crop Science**, v.29, p.1217-1220, 1989.

CONAGIN, C. H. T. M.; CONAGIN, A. Eficiência reprodutiva no amendoim cultivado (*Arachis hypogaea* L.). **Boletim Técnico do Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo**, v.19, n.65, p.1081-1104, 1960.

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. Diversidade Genética baseada em informações fenotípicas. In: CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2020, p.28-185.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Amendoim forrageiro cv. Belmonte: Leguminosa para a diversificação de pastagens e conservação do solo no Acre**. Brasília, Df: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. 18 p. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/503361/1/cirtec43.pdf>>. Acesso em: 16 de out. 2020.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Controle alternativo de pragas e doenças das plantas**. Brasília, Df: Embrapa Informação Tecnológica, 2006. 27 p. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/11942/2/00078790.pdf>>. Acesso em: 24 ago. 2020.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Pesquisa desenvolve primeira cultivar brasileira de amendoim forrageiro propagada por sementes**. 2019. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/48566757/pesquisa-desenvolve-primeira-cultivar-brasileira-de-amendoim-forrageiro-propagada-por-sementes>>. Acesso em: 16 de out. 2020.

ECPGR - European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources. **List of Germplasm databases**. 2020. Disponível em: <<https://www.ecpgr.cgiar.org/resources/germplasm-databases/list-of-germplasm-databases/>>. Acesso em: 01 out 2020.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Recursos genéticos: conservação, caracterização e uso. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. M. de. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2011, p 513-551.

FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. **The second report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture**. Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture. 2010. Disponível em: <<http://www.fao.org/3/i1500e/i1500e00.htm>>. Acesso em: 01 out 2020.

FERGUSON, M. E.; BRAMEL, P. J.; CHANDRA, S. Gene diversity among botanical varieties in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Plant Genetic Resources**, v.44, n1847-1853 p.1847-1854, 2004.

FINCH-SAVAGE, W. E.; LEUBNER-METZGER, G. Seed dormancy and the control of germination. **New Phytologist**, v.171, p.501-523, 2006.

FREIRE, R. M. M.; NARAIN, N.; MIGUEL, A. M. R. de O. SANTOS, R. C. dos. Aspectos nutricionais do amendoim e seus derivados. IN: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA Algodão, 2013, p 393-419.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Área plantada, área colhida e produção, por ano da safra e produto das lavouras**. 2020a. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>> . Acesso em: 17 de fev. 2020.

JANILA, P.; Variath, M. T.; Pandey, M. K.; Desmae, H.; Motagi, B. N.; Okori, P.; Manohar, S. S.; Rathnakumar, A. L.; Radhakrishnan, T.; Liao, B.; Varshney, R. K. Genomic tools in groundnut breeding program: Status and perspectives. **Frontiers in Plant Science**, v.7, n.289, p.1-15, 2016.

JULIANO, F. F.; ALVARENGA, J. F. R.; LAMUELA-RAVENTOS, R. M.; MASSAROLI, A. P.; LIMA, L. M.; SANTOS, R. C.; ALENCAR, S. M. Polyphenol analysis using high-resolution mass spectrometry allows differentiation of drought tolerant peanut genotypes. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.100, p.721-731, 2019.

KRAPOVICKAS, A; GREGORY, W. C. Taxonomy of the genus *Arachis* (Leguminosae). **Bonpladia**, v.8, p.1-187, 1994.

LUZ, L. N. da; SANTOS, R. C. dos; FILHO, J. L. da S.; MELO FILHO, P. de A. Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de amendoim baseadas em descritores associados ao ginóforo. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, n.1, p.132-138, 2010.

MARTINS, M. I. G.; SANT'ANA, A. E. G.; VASCONCELOS, F. M. T.; SILVA, W. L.; LIMA, L. M.; CARVALHO, R.; MELO FILHO P. A.; SANTOS, R. C. Bioactivity of basil (*Ocimum basicilum* L.) on control of the spider mite (*Tetranychus urticae* Koch.) in peanut. **African Journal of Biotechnology**, v.15, n.30, p.1597-1607, 2016.

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

MEMON, J.T.; KACHHADIA, V. H.; DEDANIYA A. P.; PATEL, R. Character association and path coefficient analysis in f_2 generation of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **International Journal of Chemical Studies**, v.7, n.3, p. 1329-1334, 2019.

MORETZSOHN, M. de C.; HOPKINS, M. S.; MITCHELL, S. E.; KRESOVICH, S.; VALLS, J. F. M.; FERREIRA, M. E. Genetic diversity of peanut (*Arachis hypogaea* L.) and its wild relatives based on the analysis of hypervariable regions of the genome. **BMC Plant Biology**, v.4, n.11, p.1-10, 2004.

NEYA, F. B.; KOITA, K.; ELISE, S.; ZAGRE, B. M.; NANA, A. T.; BUROW, M. D.; SANKARA, P. Agro-morphological diversity of six peanut (*Arachis hypogaea* L.) breeding lines from three geographical areas. **Journal of Experimental Agriculture International**, v.15, n.5, p.1-12, 2017.

NOGUEIRA, R. J. M. C.; TÁVORA, F. J. A. F.; ALBUQUERQUE, M. B. de; NASCIMENTO, H. H. C. do; SANTOS, R. C. dos. Ecofisiologia do amendoim (*Arachis hypogaea* L.). 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.

OJIEWO, C. O.; JANILA, P.; BHATNAGAR-MATHUR, P.; PANDEY, M. K.; DESMAE, H.; OKORI, P.; MWOLOLO, J.; AJEIGBE, H.; NJUGUNA-MUNGAI, E.; MURICHO, G.; AKPO, E.; GICHOHI-WAINAINA, W. N.; VARIATH, M. T.; RADHAKRISHNAN, T.; DOBARIYA, K. L.; BERA, S. K.; RATHNAKUMAR, A. L.; MANIVANNAN, N.; VASANTHI, R. P.; KUMAR, M. V. K.; VARSHNEY, R. K. Advances in crop improvement and delivery research for nutritional quality and health benefits of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Frontiers in Plant Science**, v.11, n.29, p.1-15, 2020.

POZZI, F. I.; ETCHART, V.; DÍAZ, D.; ROYO, O. M.; DÍAZ, C.; MORENO, M. V.; GIECO, J. O. Caracterización genética de germoplasma de maní cultivado (*Arachis hypogaea* L.) mediante el empleo de marcadores microsatélites. **Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias UNCUIYO**, v.46, n.2, p.1-13, 2014.

RAMOS, J. P. C.; LUZ, L. N. da; CAVALCANTI, J. J. V.; LIMA, L. M. de; FREIRE, R. M. M.; MELO FILHO, P. de A.; SANTOS, R. C. dos. Clustering fastigiata peanut accessions for selection of early-mature types suitable for the food market. **Australian Journal of Crop Science**, v.9, n.11, p.1089-1094, 2015.

RCN – Registro Nacional de Cultivares. **Consulta de cultivares registradas**. Disponível em: <http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>. Acesso em: 06 de ago. 2020.

SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A.; BRITO, S. F.; MORAES, J. S. Fenologia de genótipos de amendoim dos tipos botânicos Valência e Virgínia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.6, p.607-612, 1997a.

SANTOS, R. C. dos; MORAES, J. de S.; GUIMARÃES, M. B. Caracteres de floração e reprodução em genótipos de amendoim do tipo ereto, ramador e decumbente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.12, p.1257-1262, 1997b.

SANTOS, R. C.; CUSTÓDIO, R. J. M.; SANTOS, V. F. Eficiência reprodutiva em genótipos de amendoim e correlação fenotípica entre caracteres ligados ao ginóforo. **Ciência e Agrotecnologia**, v.24, n.3, p.617-622, 2000.

SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M.; ZAGONEL, G. F.; COSTA, B. J. Produtividade de grãos e óleo de genótipos de amendoim para o mercado oleoquímico. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n.1, p.72-77, 2012.

SANTOS, R. C.; QUEIROZ, C. M.; BATISTA, V. G. L.; SILVA, C. R. C.; PINHEIRO, M. P. N.; GALVÃO FILHO, A. L. de A.; MELO FILHO, P. de A.; LIMA, L. M. Variability of f_2 peanut progenies generated through the selection of ISSR-divergent genitors. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, n.3, p.578-586, 2013.

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.

SILVA, R. A.; RAMOS, J. P. C.; LUZ, L. N. da; CAVALCANTI, J. J. V.; LIMA, L. M. de; FREIRE, R. M. M.; SILVA, C. R. C. da; SANTOS, R. C. dos. Assessment of genetic

divergence in runner peanut genotypes grown in the Brazilian Northeast environments. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.16, p.1456-1462, 2016.

SILVA, M. F. C.; SILVA, C. R. C.; LIMA, L. M.; SANTOS, R. C., RAMOS, J. P. C. Differential expression of dormancy-associated genes in *fastigiata* and *hypogaea* peanut. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.4, p 2-10, 2017.

SILVESTRI, M. C.; ORTIZ, A. M.; DOBLADEZ, G. A. R.; LAVIA, G. I. Chromosome diversity in species of the genus *Arachis*, revealed by FISH and CMA/ DAPI banding, and inferences about their karyotype differentiation. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.92, p.1-29, 2020.

SOUSA, R. F. de; SANTOS, M. A. C. M dos; SALES, W. S.; LOBO, J. T.; LUZ, L. N. da. Diversidade genética de acessos de amendoim cultivados no cariri cearense. **Estudos e Inovações na Engenharia e Agronomia**, v.3, p. 6-12, 2020.

SOUZA, C. C.; OLIVEIRA, F. A.; SILVA, I. de F.; NETO, M. da S. A. Avaliação de métodos de determinação de água disponível e manejo da irrigação em terra roxa sob cultivo de algodoeiro herbáceo. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.4, n.3, p.338-342, 2000.

USDA – United States Department of Agriculture. **Table 13 Peanut Area, Yield, and Production.** Word, fevereiro, 2020a. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 17 de fev. 2020.

USDA – United States Department of Agriculture. **Top 10 countries for oil, Peanut.** Word. Produccion, fevereiro, 2020b. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/compositeViz>>. Acesso em: 17 de fev. 2020.

USDA – United States Department of Agriculture. **Oilseeds - Oilseed, Peanut: Production Reported,** fevereiro, 2020c. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/statsByCommodity>>. Acesso em: 18 de fev. 2020.

USDA – United States Department of Agriculture. **Table 01: Major Oilseeds: World Supply and Distribution (Commodity View),** setembro, 2020d. Disponível em:

<<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>>. Acesso em: 10 de set. 2020.

USDA – United States Department of Agriculture. **Custom Query**, setembro, 2020e. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/advQuery>>. Acesso em: 10 de set. 2020.

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.

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.

ZHANG X.; ZHANG, J.; HE X.; WANG, Y.; MA X.; YIN, D. Genome-wide association study of major agronomic traits related to domestication in peanut. **Frontiers in Plant Science**, v.8, n.1611,p.1-10, 2017.