



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
CURSO DE AGRONOMIA

INGRID PINHEIRO MACHADO

**CONCORDÂNCIA ENTRE GRUPOS BOTÂNICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA
NO PROCESSO DE CARACTERIZAÇÃO EM AMENDOIM**

FORTALEZA

2016

INGRID PINHEIRO MACHADO

**CONCORDÂNCIA ENTRE GRUPOS BOTÂNICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA
NO PROCESSO DE CARACTERIZAÇÃO EM AMENDOIM**

Monografia apresentada ao Curso de Agronomia do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Engenheira Agrônoma.

Orientador: Prof. D.Sc Júlio César do Vale Silva

**FORTALEZA
2016**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

M131c Machado, Ingrid Pinheiro.
Concordância entre grupos botânicos e diversidade genética no processo de caracterização em amendoim /
Ingrid Pinheiro Machado. – 2016.
43 f. : il.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências
Agrárias, Curso de Agronomia, Fortaleza, 2016.
Orientação: Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva.

1. *Arachis hypogaea* L.. 2. Descritores morfológicos. 3. Grupos botânicos. 4. Recursos genéticos. I. Título.
CDD 630

INGRID PINHEIRO MACHADO

CONCORDÂNCIA ENTRE GRUPOS BOTÂNICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA NO
PROCESSO DE CARACTERIZAÇÃO EM AMENDOIM

Monografia apresentada ao Curso de
Agronomia do Departamento de Fitotecnia da
Universidade Federal do Ceará, como requisito
parcial à obtenção do título de Engenheira
Agrônoma.

Aprovada em: 05/07/2016.

BANCA EXAMINADORA

D.Sc Júlio César do Vale Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

D.Sc Lucas Nunes da Luz (Conselheiro)
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira

M.Sc Renata Fernandes de Matos (Conselheira)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

A Deus, primeiramente, por me dar força e coragem durante toda esta caminhada. Aos meus pais e ao meu esposo.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre presente em minha vida, não me desamparando nos momentos em que preciso, minha fonte de amor, sabedoria e proteção.

Aos meus pais, Jonas Machado Araújo e Antônia Ivonilde Pinheiro Pereira que me incentivaram e apoiaram durante todo esse período.

À minha avó, Maria Pinheiro Pereira pelo seu acolhimento e apoio.

Ao meu esposo, Irisval Leite de Freitas Soares pela ajuda, apoio, dedicação e paciência. Sem o seu apoio teria sido infinitamente mais difícil.

À Universidade Federal do Ceará pela oportunidade de realização do curso. E ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudo.

Ao Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva, pela sua ótima orientação, pelas suas contribuições e pelos conhecimentos a mim transmitidos durante a graduação.

Aos membros da banca examinadora, por aceitarem fazer parte dela e pelas contribuições para melhorar a qualidade deste trabalho.

Ao Engenheiro Agrônomo Francisco Vieira Costa Neto por contribuir com seus conhecimentos e ajuda nos experimentos.

À Fernanda Helena O. da Silva que desde o primeiro ano de graduação esteve comigo nos momentos em que mais precisei, estudando para provas e trabalhos e pela sua amizade não só dentro da universidade.

A todos os amigos que estiveram comigo contribuindo de alguma forma e compartilhando momentos de alegria e tristeza, Francisco Thiago, Tamiris Pereira, Renata Fernandes, Francisco Henrique, Cecília Barreto, Renata de Araújo, Laís Dieb, Thaís Martins e Diego Vasconcelos.

“Deus, conceda-me a serenidade para aceitar as coisas que não posso modificar, a coragem para modificar as que posso e a sabedoria para distinguir a diferença.”
(Reinhold Niebuhr)

RESUMO

O amendoim possui grande relevância econômica, pelos atributos relativos aos seus grãos. Por esse motivo, é primordial a disponibilidade de cultivares produtivas, rentáveis e adaptadas às diversas regiões, sistemas de produção e padrões de mercado. Logo, objetivou-se com esse estudo: (i) caracterizar/avaliar acessos de amendoim da coleção de germoplasma do CCA/UFC; (ii) estimar a diversidade genética entre os mesmos e; (iii) verificar concordância entre os grupos botânicos preexistentes com as estimativas de diversidade genética. Para isso, foi conduzido um ensaio com 43 acessos de amendoim, pertencentes aos grupos botânicos Spanish, Valência e Virgínia, no delineamento em blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas compostas por uma linha de 3 metros de comprimento. O espaçamento adotado foi 0,60 metros entre fileira e 0,20 metros entre plantas. Para discriminação dos acessos foram utilizados 21 descritores morfoagronômicos. Foi observada grande variação no comportamento dos acessos quanto aos descritores morfológicos. A massa de cem grãos se mostrou o principal fator discriminante, com porcentagem relativa de 22,11%. Pelo agrupamento obtido com o método de ligação completa, foi possível visualizar no dendrograma a formação de oito grupos com base na distância generalizada de Mahalanobis. Pela análise dos componentes principais foi identificada diversidade fenotípica entre os genótipos. Os três primeiros componentes explicaram 81,07% da variação total. Posteriormente, foi construído um gráfico tridimensional para visualização da dispersão dos acessos, sendo formados oito grupos, o mesmo número de grupos observados no dendrograma. Verificou-se uma concordância de média a alta magnitude entre os grupos botânicos e diversidade genética, comprovando a dissimilaridade entre genótipos de grupos distintos. Assim, cruzamentos entre acessos do grupo botânico Spanish ou Valência com aqueles pertencentes ao grupo Virgínia devem gerar populações segregantes com elevado potencial genético.

Palavras-chave: *Arachis hipogaea* L.. Descritores morfoagronômicos. Grupos botânicos. Recursos genéticos.

ABSTRACT

Peanut has great economic importance, the attributes relating to its grain. For this reason, it is essential the availability of productive cultivars, profitable and adapted to various regions, production systems and industry standards. Soon, the aim with this study: (i) characterize / evaluate peanut accessions of germplasm collection of the CCA / UFC; (ii) estimate the genetic diversity between them and; (iii) verify agreement between the existing botanical groups with estimates of genetic diversity. For this, we conducted a test with 43 peanut accessions belonging to the botanical groups Spanish, Valencia and Virginia, in a randomized block design with three replications and plots consisting of a line of 3 meters long. The spacing used was 0.60 meters between row and 0.20 m between plants. For discriminations were used 21 morphological descriptors. great variation was observed in the behavior of access as the morphological descriptors. The mass of one hundred grains showed the main discriminating factors, with relative percentage of 22.11%. The cluster obtained with the complete connection method, it was possible to view the dendrogram the formation of eight groups based on the Mahalanobis distance. For the analysis of the main components was identified phenotypic diversity among genotypes. The first three components explained 81.07% of the total variation. Subsequently, built a three-dimensional scatter chart for access of visualization, being formed eight groups, the same number of groups observed in the dendrogram. There was an average of agreement to high magnitude between botanical groups and genetic diversity, proving the dissimilarity between genotypes of different groups. So crossings between group access botanical Spanish or Valencia with those belonging to the Virginia group should generate segregating populations with high genetic potential.

Keywords: *Arachis hipogaea* L.. Morphoagronomic descriptors. Botanical groups. Genetic resources.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Dendrograma de 43 acessos de amendoim, obtido pelo método Ligação Completo – vizinho mais distante, baseado em sete caracteres. Fortaleza, Ceará, 2015 31
- Figura 2 – Dispersão gráfica dos escores de 43 acessos de amendoim em relação aos eixos representativos das variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3) baseados em sete caracteres. Fortaleza, Ceará, 2015 33

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Grupo botânico, genótipo, procedência e ordem de registro dos 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.....	24
Tabela 2 – Caracterização dos 43 acessos de amendoim por meio de alguns descritores morfoagronômicos. Fortaleza, Ceará, 2015.....	28
Tabela 3 – Contribuição relativa dos caracteres quantitativos para a diversidade genética conforme metodologia proposta por Singh (1981) baseado na distância generalizada de Mahalanobis, obtida em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.....	30
Tabela 4 – Estimativas das variâncias (autovalores) associadas aos componentes principais relativos aos sete caracteres quantitativos, avaliados em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.....	33
Tabela 5 – Índices de coincidência entre a formação de grupos botânicos e grupos formados pelos procedimentos do dendrograma e dispersão gráfica considerando sete caracteres quantitativos avaliados em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.....	34

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1	Amendoim.....	14
2.1.1	<i>Aspectos botânicos.....</i>	14
2.1.2	<i>Aspectos econômicos.....</i>	14
2.2	Recursos genéticos	15
2.3	Melhoramento do amendoim.....	17
2.4	Divergência genética.....	18
2.4.1	<i>Medidas de dissimilaridade.....</i>	19
2.4.2	<i>Técnicas de agrupamento.....</i>	20
2.4.3	<i>Dispersão gráfica.....</i>	21
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	24
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
5	CONCLUSÕES.....	36
6	REFERÊNCIAS.....	37

1. INTRODUÇÃO

Os recursos genéticos podem ser definidos como a variabilidade de plantas, constituintes da biodiversidade, de interesse socioeconômico atual e potencial para utilização em programas de melhoramento genético. E os bancos de germoplasma têm sido criados no mundo com a finalidade de conservar esses recursos genéticos vegetais (RGVs), os quais apresentam valor inestimável para a humanidade. Isso porque os RGVs são considerados um reservatório gênico no qual podem ser encontradas soluções para diversas alterações ambientais, servindo como matéria-prima para o desenvolvimento da agricultura mundial (VALOIS *et al.*, 1996; NASS, 2001).

Os bancos ativos de germoplasma (BAGs) são unidades conservadoras, de curto a médio prazo, de material genético de uso potencial imediato e futuro. São considerados ativos porque devem estar à disposição de pesquisadores e agricultores. Entretanto, uma coleção ativa de germoplasma, para ser eficientemente utilizada, deve ter seus acessos caracterizados e avaliados, para possibilitar a identificação de diversidade dentro e entre acessos, com todas as informações disponibilizadas em sistema computadorizado para facilitar a procura pelos usuários (FREITAS *et al.*, 2011).

Existem várias espécies de importância agrícola para a economia brasileira, que devem ter seu germoplasma preservado, dentre essas o amendoim. Os grãos desta leguminosa são ricos em proteína (20-25%) e óleo vegetal (40-45%), sendo consumidos mundialmente sob as mais variadas formas (SILVEIRA *et al.*, 2011). Cerca de 60% da produção mundial do amendoim é destinada à extração de óleo, gerando subprodutos industriais utilizados na ração animal; o restante geralmente é destinado à alimentação humana sob a forma *in natura* (SANTOS *et al.*, 2010).

A expansão da exploração agrícola comercial do amendoim no Brasil depende do seu nível tecnológico e competitividade. Por esse motivo, é de importância primordial a disponibilidade de cultivares produtivas, rentáveis e adaptadas às diversas regiões, sistemas de produção e padrões de mercado (SANTOS, 2010). Neste sentido, a conservação de coleções de acessos, como a do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (CCA/UFC), pode dar suporte à pesquisas de melhoramento genético que tem como objetivo o desenvolvimento de cultivares.

Essa coleção foi iniciada em 1983 a partir de coletas no estado do Ceará, introduções recebidas de outras instituições brasileiras e do exterior, principalmente do Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Senegal, África. Entre as instituições brasileiras, as maiores

contribuições foram do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), da extinta Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará (EPACE) e do Centro Nacional de Pesquisa do Algodão vinculado à EMBRAPA. A coleção conta com aproximadamente 90 acessos de amendoim, porém pouco se conhece sobre a diversidade genética destes.

Atualmente são explorados três grupos botânicos na cultura do amendoim: Spanish, Valência e Virginia. Genótipos pertencentes a cada um desses grupos apresentam características bem marcantes que servem para diferenciá-los. Contudo, isso não significa dizer que são dissimilares geneticamente. Essa informação é crucial para programas de melhoramento, pois a partir da mesma são direcionados os cruzamentos e derivadas populações segregantes, buscando-se progênies que apresentem complementação gênica (SUDRÉ *et al.*, 2005; MARIM *et al.*, 2009). Assim, uma vez constatada a concordância entre grupos botânicos e diversidade genética, pode-se ganhar tempo no processo de melhoramento, pois não haverá mais a necessidade de fazer avaliações e análises complexas para identificar genótipos divergentes.

Nesse contexto, objetivou-se com esse estudo: (i) caracterizar/avaliar acessos de amendoim da coleção de germoplasma do CCA/UFC; (ii) estimar a diversidade genética entre os mesmos e; (iii) verificar concordância entre os grupos botânicos preexistentes com as estimativas de diversidade genética.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 – Amendoim

2.1.1 Aspectos botânicos

O amendoim é uma dicotiledônea pertencente à família Leguminosae, subfamília Faboideae, gênero *Arachis*. O gênero é composto por aproximadamente 80 espécies, sendo a *A. hypogaea* a de maior valor comercial, que se subdivide em duas subespécies, a *hypogaea*, cujos genótipos pertencem ao grupo Virgínia e a *fastigiata*, com os genótipos pertencentes aos grupos Valência e Spanish (JUDD *et al.*, 1999; VALLS, 2013).

A origem do amendoim comum parece estar associada a um ocasional cruzamento entre duas espécies silvestres diploides, que teria resultado em um híbrido estéril, cujos cromossomos foram duplicados, levando à restauração da fertilidade e provável seleção de controle genético da meiose (VALLS, 2013). Assim, de acordo com Santos *et al.* 2000, o amendoim é uma planta alotetraploide, que se reproduz quase exclusivamente por autogamia.

No que diz respeito ao aspecto morfológico, a planta do amendoim é herbácea, com hábito de crescimento ereto ou rasteiro e haste principal variando entre 12 a 60 cm de altura, dependendo do tipo botânico. É uma cultura anual, com ciclo entre 90 e 160 dias. É alotetraploide, que se reproduz quase exclusivamente por autogamia (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

O grupo botânico Virgínia apresenta ciclo longo, não possui flores no eixo central, hábito de crescimento geralmente rasteiro e possui ramificações vegetativas ou reprodutivas alternadas nos ramos primários. O grupo botânico Spanish apresenta ciclo mais curto, flores sobre o eixo central, frutos bisseminados, hábito de crescimento ereto e ramificações reprodutivas e vegetativas desordenadas ao longo dos ramos primários. Já o grupo botânico Valência apresenta frutos com mais de duas sementes, retículo do pericarpo pouco perceptível e hábito de crescimento ereto. Os grupos Valência e Spanish possuem o ciclo mais curto (85 a 110 dias) em relação ao grupo Virgínia, que possui ciclo mais tardio (120 a 160 dias) (KRAPOVICKAS, 1995, 1998; NOGUEIRA e TÁVORA, 2005).

2.1.2 Aspectos econômicos

O amendoim apresenta o centro sul-americano como o de maior diversidade e está inserido no grupo das plantas leguminosas oleaginosas. Sua relevância econômica está ligada a alguns atributos relacionados aos seus grãos, como sabor agradável, rico em óleo

(aproximadamente 50%) e proteína de alta qualidade (20-25%). Os grãos também são ricos em sais minerais, vitaminas e carboidratos. Todos esses atributos tornam o amendoim um alimento riquíssimo em energia (LOURENZANI *et al.*, 2006; SANTOS *et al.*, 2010).

Perante o cenário mundial, o amendoim é a quinta oleaginosa mais produzida. Além disso, destaca-se por ser responsável por 10% da produção mundial de óleo comestível e ser o quinto mais consumido. Além disso, o grão é uma importante fonte de matéria-prima para as indústrias alimentícias (GODOY *et al.* 2004; SANTOS *et al.*, 2013; USDA, 2014). A produção mundial na safra 2013/2014 foi de 39,8 milhões de toneladas. Três países concentraram 63% deste volume, China (43,37%), Índia (14,44%) e Estados Unidos (4,84%). A produção brasileira nesta safra foi de 315,8 mil toneladas, o que representou apenas 0,8%, sendo a região Sudeste responsável por aproximadamente 90% do total produzido (COSTA, 2015).

O Brasil manteve volume de produção na safra de 2014/2015, com 346,8 mil toneladas, numa área de 108,9 mil hectares, com rendimento médio de 3.183 kg/ha. A região Nordeste foi responsável por quase 14% da produção nacional, sendo que as maiores contribuições desse total vêm de cultivos conduzidos por pequenos produtores que vivem da agricultura familiar. A estimativa para a produção brasileira na safra 2015/2016 é de 410,1 mil toneladas, e de 3,8 mil toneladas para a região Nordeste (CONAB, 2016).

2.2 - Recursos genéticos

Conforme Queiróz (1999), os recursos genéticos são estabelecidos como a porção da biodiversidade que tem previsão de uso atual e potencial. São portadores de genes de grande significado para o melhoramento genético de plantas. Segundo Valls (2005), o interesse pelos recursos genéticos de *Arachis* se dá devido ao impacto econômico e ecológico potencial da exploração da diversidade de suas espécies cultivadas e das expectativas de transferência de características desejáveis das espécies silvestres às cultivadas. O amendoim cultivado possui uma variabilidade marcante para uma série de caracteres, não só entre os tipos botânicos, mas também entre acessos dentro de cada tipo (VEIGA *et al.*, 1996).

O banco de germoplasma é o lugar onde se armazena o material genético das espécies de interesse. No entanto, os bancos de germoplasma não possuem apenas a função de armazená-los, pois geralmente envolvem as atividades de coleta, introdução, intercâmbio, caracterização, avaliação, conservação, inspeção, multiplicação e regeneração de germoplasma (RAMALHO, 2000). Neste sentido, além de serem importantes por possibilitar

a conservação do germoplasma, tornam possível conhecer mais afundo as características que cada acesso apresenta.

Os bancos ativos de germoplasma (BAGs) são unidades conservadoras de curto a médio prazo de material genético de uso eficiente imediato e futuro. Isto é, servem para conservar uma coleção de germoplasma ativa e devem estar à disposição de pesquisadores e agricultores (FREITAS *et al.*, 2011). A manutenção de um BAG visa, além de conservar os acessos, averiguar como eles podem contribuir para a ampliação da base genética das futuras cultivares, avaliando o seu potencial de variabilidade. Na caracterização são realizadas avaliações de caracteres de alta herdabilidade, que são observados facilmente e que se expressam em todos os ambientes. Ao passo que, na avaliação são realizadas também mensurações de alguns caracteres de importância agrônômica (SANTOS *et al.*, 1995). A identificação de acessos em coleções de germoplasma é uma grande vantagem alcançada pelos trabalhos de caracterização morfológica. É uma ferramenta auxiliar no melhoramento genético, ajudando na busca de uniformidade e podendo eliminar, plantas fora do padrão (“*off-types*”) com base em suas características morfológicas. Também permite eliminação de material repetido ou discrepante, proveniente de uma amostra não homogênea, o que é essencial em bancos de germoplasma (VEIGA *et al.*, 1996).

A coleta de germoplasma de espécies de *Arachis* tem sido conduzida de forma organizada nos últimos 40 anos. Cerca de 1500 acessos foram obtidos e, em grande parte, vêm sendo mantidos. De maneira geral, as amostras coletadas têm sido duplicadas em mais de um país, por questão de segurança, na falta de sobrevivência do germoplasma (SANTOS *et al.*, 2013).

De acordo com Wetzel *et al.* (2005), há dois grandes bancos de germoplasma de amendoim no Brasil, um gerenciado pelo Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) 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. O Brasil é uma grande fonte de diversidade genética de espécies de *Arachis*, pois abriga 64 das 80 espécies do gênero, sendo 47 exclusivas do país (VALLS, 2013).

A caracterização e avaliação do germoplasma são importantes para o uso direto dos genótipos e para a obtenção de segregantes transgressivos ou populações de ampla variabilidade genética (FREITAS *et al.*, 2011). Assim, como o processo de avaliação, o

processo de caracterização da coleção de germoplasma tem uma aplicação estratégica na grande importância dos recursos genéticos, além de fornecerem dados básicos que são necessários ao melhoramento de plantas ou para o mapeamento genético (CASTELLEN *et al.*, 2007).

De acordo com Nass (2001), a alternativa mais promissora para associar os recursos genéticos vegetais e os programas de melhoramento e, com isso, aumentar a utilização dos acessos dos Bancos Ativos de Germoplasma é o aumento das atividades de pré-melhoramento, entre elas, o melhor conhecimento dos acessos *per se* e dos cruzamentos, além da maior quantidade de informações sobre os acessos.

Os recursos genéticos vegetais (RGVs) têm sido pouco utilizados no mundo inteiro pelos melhoristas, isso tem ocorrido devido à falta de documentação, descrição adequada e avaliação das coleções; adaptação restrita dos acessos; custos elevados para caracterização e avaliação, número insuficiente de melhoristas; carência de informação desejada; preferência dos melhoristas pelos materiais elite, evitando *landraces* (raças locais) e genótipos exóticos, e materiais silvestres; *linkage drag* e inferioridade fenotípica dos caracteres quantitativos (TANKSLEY e NELSON, 1996; PATERNIANI *et al.*, 2000; NASS, 2001). O fenômeno conhecido como *linkage drag* (arraste gênico) se caracteriza pela ligação entre o loco de interesse e os outros alelos que atribuem fenótipo indesejável no genitor doador, isso faz com que a transferência do alelo de interesse leve consigo alelos indesejáveis (RAMALHO e LAMBERT, 2004).

2.3 - Melhoramento do Amendoim

A planta do amendoim se reproduz preferencialmente por autogamia, o que leva a elevadas taxas de homozigose entre os indivíduos que compõem uma população. O uso de genitores pouco divergentes em trabalhos de hibridação limita demasiadamente a disponibilidade de variabilidade genética. Neste sentido, uma alternativa relevante para se utilizar em programas de melhoramento é a adesão de genitores de diferentes subespécies, e subsequente seleção de linhagens em populações segregantes (SANTOS *et al.*, 2013).

Os programas de melhoramento do amendoim desenvolvidos por instituições brasileiras focam nos principais descritores responsáveis pelo alto desempenho produtivo e nutricional. Das características mais importantes, mencionam-se a produção de vagens, a precocidade, a resistência ou tolerância a fatores bióticos e abióticos e a qualidade da produção, incluindo as vagens e os grãos. Outros descritores, não relacionados à produção da

cultura, tais como os caracteres qualitativos cor da semente, hábito de crescimento e tipo de ramificação, também podem ser utilizados simultaneamente, de forma que auxilie o melhorista na identificação de genótipos promissores (SANTOS *et al.*, 2013).

O que mais se busca no melhoramento genético do amendoim é alcançar cultivares com produções superiores e estáveis, resistentes a diversas pragas e doenças e com ampla adaptação ambiental. Ademais, melhoria da qualidade do óleo e dos níveis de proteína para satisfazer o mercado “*in natura*” e a indústria alimentícia (SANTOS, 1999). Os objetivos do melhoramento genético variam de acordo com a região produtora e sistemas de cultivos adotados.

Para alcançar uma cultivar com essas características, métodos convencionais de melhoramento são utilizados e os que mais se destacam são: introdução; seleção, os mais utilizados são o massal e o individual (com teste de progênie); hibridação; genealógico (*Pedigree*); retrocruzamento; SSD (*Single Seed Descent*); seleção recorrente; e cruzamentos complexos ou piramidais (ALLARD, 1971; WYNNE e GREGORY, 1981; SANTOS *et al.*, 2013).

A hibridação é a forma mais rápida de se conseguir variabilidade genética, no entanto, características indesejáveis estão constantemente ligadas a outras de grande valor agrônomico. A maior parte das características agrônomicas do amendoim é de natureza quantitativa, sendo adequado pela magnitude e natureza da variação presente na população em programas de melhoramento. A produção é um exemplo de caráter complexo, dirigido por vários pares de genes e com herança bastante complexa (QADRI *et al.*, 1982; BESPALHOK *et al.*, 2016).

O tempo para obtenção de uma cultivar pode variar entre 3 a 5 anos, dependendo da metodologia adotada. No caso da adesão de métodos que não envolvam a hibridação, o tempo é reduzido. Contudo, mesmo por hibridação, pode-se sintetizar uma cultivar com menos de 5 anos (SANTOS, 1995, 1998).

2.4 - Divergência genética

De acordo com Cruz e Carneiro (2003), os estudos sobre divergência genética são essenciais para a percepção da variabilidade genética das populações. Isso porque viabilizam o acompanhamento dos bancos de germoplasma, por produzirem informações proficientes para preservação e uso dos acessos (TOQUICA *et al.*, 2003).

Esses estudos sobre divergência contribuem para a identificação de possíveis duplicatas e oferecem padrões para a escolha de progenitores, possibilitando maior complementação gênica na progênie resultante de cruzamentos. Desta forma, aumentam consideravelmente as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Os métodos multivariados são mais recomendados quando se tem muitos acessos a analisar, por permitirem a análise de todo o grupo de forma mais integral e confiável (RAMOS *et al.*, 2015). A pesquisa da diversidade genética por esses métodos em coleções de germoplasma e em populações melhoradas tem sido amplamente conduzida em amendoim.

Como no trabalho de Ajay *et al.* (2012), que objetivou melhorar atributos genéticos em amendoim para confeitaria. Foram estudados 17 cultivares de amendoim utilizando técnicas multivariadas como a técnica de agrupamento UPGMA e a análise de componentes principais. Essas ferramentas foram capazes de classificar as cultivares em diferentes grupos e identificar os ideais genitores para serem utilizados em programas de melhoramento. Outro trabalho que utilizou método multivariado foi o trabalho de Kumar *et al.* (2010), que avaliou 64 acessos de amendoim com o objetivo de identificar genótipos superiores através da análise de componentes principais, que determina o efeito de cada variável sobre a variância total do conjunto de dados. E identificou acessos promissores para futuros cruzamentos.

Na literatura, trabalhos têm sido feitos citando a diversidade genética na cultura em destaque, como o trabalho de Borges *et al.* (2007) que testaram 29 acessos de amendoim e concluíram que houve variabilidade entre as diferentes variedades botânicas da espécie *Arachis hypogaea*. Já Ramos *et al.* (2015), em seu trabalho, avaliou 77 acessos de amendoim, baseando-se em diferentes métodos de agrupamento e identificou acessos divergentes que podem ser utilizados em futuros cruzamentos buscando complementação gênica.

Métodos biométricos são utilizados para indicar o quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra. São analisados pela estatística multivariada proporcionando consubstanciar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (CRUZ e REGAZZI, 2001). Para a análise da variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações podem ser utilizados métodos específicos ou uma combinação de métodos (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003).

2.4.1 - Medidas de dissimilaridade

As medidas de dissimilaridade são bastante importantes em estudos de diversidade genética, no qual se procura identificar genitores a serem utilizados em programas de hibridação. Há perspectivas de que genitores de bom desempenho, com grau de diversidade, possam apresentar genes complementares que propiciam indivíduos transgressivos nas gerações segregantes (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Estudos sobre diversidade também têm sido realizados com o objetivo de identificar grupos de cultivares com maior similaridade, pretendendo a formação de multilinhas. Em avaliações feitas em bancos de germoplasma, coeficientes de dissimilaridade revelam a existência de duplicatas, que poderiam ser eliminadas, subtraindo assim, custos e trabalho necessários para a conservação dos acessos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Utilizando o critério proposto por Singh (1981), além de viabilizar o estudo da diversidade genética, é possível, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética. De acordo com Resende (2007), seu fator limitante é a necessidade de repetições das variáveis coletadas nos ensaios experimentais. Pelo método de Singh (1981), consideram-se de menor importância as características que apresentam menor variabilidade ou que estão representadas por outras.

Yadav *et al.* (2014), ao estudar 60 genótipos de amendoim baseado em 14 características, com a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, constataram a formação de 12 grupos pelo método de Tocher. Granja *et al.* (2009) aderiram a técnica de agrupamento UPGMA e a distância Euclidiana para determinar a similaridade genética em 29 linhagens intraespecíficas de amendoim, para isso tomaram por base 10 descritores e conseguiram separar os materiais genéticos em 5 grupos diferentes, devido à variabilidade da população estudada.

2.4.2 - Técnicas de agrupamento

Os métodos de agrupamento ou projeções de distâncias em gráficos são utilizados para se tornar praticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual das estimativas de dissimilaridade, que quantificam e informam sobre o grau de semelhança ou de diferença entre dois quaisquer genótipos. Nos métodos de otimização, os grupos são formados a partir da adequação de algum critério de agrupamento (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Na área do melhoramento genético, o método mais utilizado é o proposto por Tocher, que requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, na qual é identificado o par de indivíduos mais semelhantes. Esses indivíduos formarão o grupo inicial. A partir daí, adota-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, para a inclusão de novos indivíduos (MENEZES, 2011). De acordo com Cruz *et al.* (2004), no método de Tocher, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos.

Nos métodos hierárquicos, o principal objetivo é a obtenção do dendrograma, em que se torna possível a formação de uma árvore de ramos conectados entre si. O método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), que usa a ligação média não ponderada entre os grupos é um dos métodos mais utilizados no melhoramento de plantas. Esse método evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos. No método do vizinho mais distante, o dendrograma é estabelecido pelos genótipos com maior similaridade, é calculada a matriz de distâncias entre os indivíduos e, em seguida os indivíduos mais distantes são agrupados (CRUZ e CARNEIRO, 2003, RESENDE, 2007; CRUZ *et al.*, 2012).

Santos *et al.* (2013) estudaram 11 acessos intraespecíficos de amendoim, pertencentes às subespécies *hypogaea* e *fastigiata* e utilizaram o dendrograma para a obtenção da matriz de similaridade genética. Para o agrupamento das linhagens foi empregada a técnica de aglomeração hierárquica da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA). O dendrograma permitiu a formação de três grupos entre os genótipos avaliados. A partir desses resultados, foi possível escolher os genótipos mais divergentes para trabalhos de hibridação.

2.4.3 - Dispersão Gráfica

A análise da dispersão gráfica é utilizada para avaliação da diversidade dentro de um conjunto de genótipos. 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 (XAVIER, 1996).

Nos métodos de agrupamento pode haver perda de informações do grau de dissimilaridade, principalmente dos indivíduos de um mesmo grupo, em razão desse método envolver matrizes de dissimilaridade de ordem elevada. Logo, a utilização conjugada de métodos de dispersão gráfica com os de agrupamento tem sido a alternativa mais adequada em estudos de diversidade genética (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

As técnicas de componentes principais e variáveis canônicas são utilizadas quando se dispõe de dados originais, que por sua vez possibilitam a análise por meio de dispersão gráfica. A técnica de componentes principais tem sido bastante útil para o melhoramento genético por permitir simplificar o conjunto de dados, resumindo as informações, primeiramente contidas em um grupo de variáveis, em poucos componentes. Consiste em transformar um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, mas com propriedades importantes, de interesse em programas de melhoramento. Essa técnica baseia-se apenas nas informações individuais de cada acesso, sem a necessidade de dados com repetições (CRUZ, 1990; CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A viabilidade de utilização dos componentes principais em estudos de divergência genética depende da possibilidade de reduzir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes. Isso significa ter uma boa aproximação do comportamento dos indivíduos, proveniente de um espaço bidimensional ou tridimensional (CRUZ & REGAZZI, 1997).

Na técnica de componentes principais, as variáveis de maiores pesos nos últimos autovetores são consideradas de menor importância para o estudo de diversidade genética. Essa é uma informação importante em estudos de diversidade genética, pois permite a identificação de variáveis que pouco contribuem para a diferenciação dos genótipos, sendo possível seu descarte em estudos futuros. Em contrapartida, as variáveis de maiores pesos nos primeiros autovetores são consideradas de maior importância para o estudo da diversidade genética quando esta explica uma parte considerável da variação disponível, normalmente limitado em valor mínimo de 80% (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Esquivel *et al.* (1993) após procederem a análises de componentes principais usando caracteres morfo-agronômicos, bioquímicos e fitopatológicos verificaram que a diferenciação entre os tipos botânicos Valência, Spanish (ambos de hábito de crescimento ereto) e Virgínia (hábito de crescimento rasteiro) não foi muito clara quando foram utilizados apenas caracteres quantitativos. Os acessos do tipo Spanish, todavia, apresentaram-se intermediários entre os tipos botânicos Valência e Virgínia.

Santos *et al.* (2000) utilizaram a técnica de componentes principais para estimar a divergência genética entre 20 genótipos de diferentes grupos botânicos de amendoim, baseando-se em 20 descritores morfo-agronômicos e isoenzimáticos. Concluíram que alguns descritores morfológicos e agrônômicos foram de grande peso na classificação dos materiais genéticos, podendo assim, inferir em qual grupo houve maior dispersão.

A técnica de variáveis canônicas é similar à de componentes principais. Entretanto, essa técnica baseia-se nas informações entre e dentro dos acessos, havendo, portanto, necessidade de dados, em nível de acessos, com repetições (CRUZ e CARNEIRO, 2003). A análise por variáveis canônicas, proposta por Rao (1952) é um processo alternativo à análise de componentes principais. Essas técnicas procuram, com base em um grande número de características originais correlacionadas, obter combinações lineares dessas características de tal forma que a correlação entre essas variáveis seja nula (KENDALL, 1950).

Safari *et al.* (2013) utilizaram a metodologia de análise de correlação canônica para determinar as relações entre características morfo-agronômicas (peso de 100 grãos, peso de 100 vagens, largura e comprimento de grãos, largura e comprimento de vagens, número de vagens por planta, comprimento e largura de folha e altura de planta) e características de qualidade de óleo nas sementes de 39 genótipos de amendoim. De acordo com os autores, as correlações canônicas apresentaram alta magnitude e foram estatisticamente significativas. Dessa forma, a metodologia adotada forneceu recursos para estimar caracteres importantes da qualidade do óleo com base em caracteres de mais fácil visualização.

Contribuições efetivas têm sido feitas na discriminação e indicação de prováveis genitores a ser utilizados em programas de melhoramento. Isso está sendo possível por meio da análise da diversidade genética tomando por base técnicas de análise multivariada. Além de proporcionar um maior domínio dos acessos de coleções de germoplasma (SANTOS *et al.*, 2000; TORRES FILHO, 2008).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi conduzido na horta do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará (UFC), *Campus* do Pici, no ano de 2014, em Fortaleza, Ceará, a 03°47'25'' de latitude S e 38°30'30'' de longitude W e altitude de 21 m. Para isso, empregou-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições. Os tratamentos foram constituídos por 43 acessos de amendoim da coleção do CCA/UFC (Tabela 1). Utilizou-se o espaçamento de 0,60 x 0,20 m. Cada parcela apresentou uma área total de 1,8 m², constituída por uma fileira de 3 m. Para o cálculo da área útil, excluiu-se a primeira planta das extremidades de cada parcela, o que fez um total de 1,68 m². Todos os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações de plantio da cultura na região.

Tabela 1 - Grupo botânico, genótipo, procedência e ordem de registro dos 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.

Grupo botânico	Genótipo	Procedência	Registro na coleção CCA/UFC	
Valência	CE 6811	Ceará	EAC-002	
	TATU	Ceará	EAC-003	
	DWARF (M-1)	Índia	EAC-008	
	V-4	-	EAC-010	
	GDM	Índia	EAC-011	
	A-8	Ceará	EAC-015	
	A-25	Ceará	EAC-018	
	B-8	Ceará	EAC-020	
	B-9	Ceará	EAC-021	
	B-28	Ceará	EAC-022	
	B-34	Ceará	EAC-024	
	Tatu-aéreo	Ceará	EAC-025	
	GDM(M1)	Ceará	EAC-026	
	HP-2V3mM	Índia	EAC-027	
	494	UPL/EPACE	EAC-030	
	1028	UPL/EPACE	EAC-034	
	1066	UPL/EPACE	EAC-035	
	BR-1	Paraíba	EAC-105	
	Spanish	496	UPL/EPACE	EAC-038
		GEORGIA	Estados Unidos	EAC-039
PI 269.689		Estados Unidos	EAC-040	
DIXIE-SPANISH		Estados Unidos	EAC-041	
IAL-18		Bahia	EAC-042	
PI 165-317		Estados Unidos	EAC-043	
TATUÍ		IAC/SP	EAC-044	
J-11		Ceará	EAC-045	
JH-113		Ceará	EAC-046	
SPANISH IMPRO		EUA	EAC-048	
55-4-37		Senegal	EAC-050	
MH-1R33/1		Ceará	EAC-052	
CHICO		Senegal	EAC-088	
GC 337		Senegal	EAC-089	
841.111		IAC/SP	EAC-106	
Virgínia		TMVZNL	Índia	EAC-056
		MK374	Nigéria	EAC-057
	SHULAMAH	Estados Unidos	EAC-061	
	GMLM	Índia	EAC-062	

Continua.

Tabela 1- Grupo botânico, genótipo, procedência e ordem de registro dos 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.

Genótipo	Procedência	Registro na coleção CCA/UFC
HP-65	-	EAC-068
HP-77	-	EAC-070
DWARF	UPL/EPACE	EAC-076
(MI)BELTVILLE	UPL/EPACE	EAC-077
73-33	Senegal	EAC-085
57422	Senegal	EAC-086

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

A testemunha utilizada foi a cultivar BR-1, obtido por meio de seleção entre populações segregantes derivadas de cruzamentos envolvendo genitores do grupo Valência, adaptados as condições do Nordeste do Brasil. Essa cultivar apresenta tolerância ao estresse hídrico e a cercosporiose. Além do mais, atinge a maturação em torno de oitenta dias, o que faz ser uma das cultivares mais recomendados para os diversos ambientes de cultivo na região.

Durante a execução do ensaio utilizou-se os principais descritores do amendoim para caracterizar os 43 acessos. Essas informações serão utilizadas, *a posteriori*, para evitar a conservação de acessos duplicados bem como subsidiar programas de melhoramento no direcionamento de cruzamentos.

Na fase vegetativa, a partir dos 30 dias após o plantio, foram avaliados em cinco plantas da área útil os seguintes descritores morfológicos: grupo botânico (GB); tipo de ramificação (TR); hábito de crescimento (HC); presença de flores no eixo principal (PFEP); cor de ginóforo (CGIN); cor de película de semente (CS); cor de folíolo (CF); formato de folíolo (FF); comprimento de folíolo (CPF); número de ramos secundários (NRS) e número de ramos terciários (NRT).

O TR foi mensurado a partir da observação da disposição dos ramos vegetativos e reprodutivos ao longo do ramo principal; o HC foi avaliado por meio da disposição dos ramos em relação ao solo; a PFEP foi avaliada mediante a observação do aparecimento de flores do eixo/ramo principal; a CGIN foi avaliada pela observação da coloração que o ginóforo apresentou; a CS foi avaliada observando-se a coloração predominante da película da semente; a CF foi avaliada observando-se a tonalidade da cor verde exibida pela folhagem, durante o dia, evitando, assim, interferências de sombreamento; o CPF foi mensurado com o auxílio de um régua; o FF foi avaliado mediante a observação do formato do folíolo; o NRS e NRT foram mensurados através da contagem de ramos após a colheita.

A caracterização agrônômica foi baseada nos descritores ligados aos componentes de produção da cultura. A coleta de dados referente à produtividade foi efetuada considerando a

produção total de vagens de cada acesso nas suas respectivas áreas úteis. Os demais componentes foram mensurados tomando como base as cinco plantas coletadas ao acaso. Os descritores adotados foram: ciclo (C); número de dias para surgimento da primeira flor (ND1ªF); número de dias para 50% da floração (ND50°F); altura de planta (AP); relação semente/fruto (RSF); comprimento da vagem (CVa); número de frutos por planta (NFP); porcentagem de frutos imaturos (%FI); produção por planta (PRP); massa de 100 grãos (M_{100G}) e produtividade (PROD).

O ciclo foi avaliado através da quantidade de dias entre a semeadura e a colheita; o ND1ªF foi avaliado mediante contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento da primeira flor na parcela; o ND50°F foi avaliado pela contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento de 50% de flores na parcela; a AP foi avaliada após as plantas atingirem o estágio de maturação, no qual as plantas tiveram sua altura mensurada por meio do uso de régua, tomando como medida a distância do colo da planta ao ápice do ramo principal; a RSF foi mensurada fazendo-se uma relação entre a massa de uma amostra de sementes (sementes de 60 frutos) e a massa de uma amostra de frutos (60 frutos), depois multiplicou-se por 100 para se obter a porcentagem; o CVa foi avaliado mediante a seleção aleatória de 10 vagens, mensurando-se o comprimento com o auxílio de um barbante e uma régua, depois procedeu-se a média de comprimento das vagens; o NFP foi avaliado pela contagem de frutos presentes em cada planta; a %FI foi feita através da contagem de frutos imaturos e posterior relação entre o número de frutos imaturos e o número total de frutos da parcela; a PRP foi avaliada através da relação entre a massa total de frutos e o número de plantas da parcela; a M_{100G} foi avaliada por meio da contagem de 100 grãos de cada planta, os quais foram pesados em balança de precisão; e PROD foi mensurada através da relação entre a massa total de grãos da parcela e a área total da parcela.

Procedeu-se à análise de variância para cada caractere. Foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade, visando identificar possíveis problemas nas matrizes de correlação residual, no qual foram eliminados os caracteres que apresentaram multicolinearidade em níveis moderados e severos. Posteriormente, foi determinada, mediante o método de Singh (1981), a importância relativa de cada caractere para a divergência genética e utilizada a metodologia proposta por Garcia (1998) para descarte dos caracteres de menor importância.

Nas análises multivariadas, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade e, para formação dos grupos empregou-se o método da ligação completa e o método de otimização de Tocher. Todas as análises foram realizadas pelo aplicativo computacional em Genética e Estatística GENES (CRUZ, 2013).

Para o cálculo do índice de coincidência entre grupos botânicos e grupos formados pelos métodos de diversidade genética (dendrograma e dispersão gráfica) utilizou-se como base o coeficiente de Jaccard (1901), que é o mais indicado quando o estudo é feito dentro de uma população ou espécie:

$$IC = \frac{a}{a + b + c}$$

em que:

IC = Índice de coincidência;

a = Valor que quantifica o número de coincidências;

b = Valor que que quantifica o número de discordância do tipo 1-0;

c = Valor que quantifica o número de discordância do tipo 0-1.

Ajustando esse método, as discordâncias *b* e *c* seriam quantificadas da mesma forma, resultando assim, em uma equação simplificada:

$$IC = \frac{NC}{NC + NNC}$$

em que:

IC = Índice de coincidência;

NC = Número de coincidência entre grupos botânicos e grupos de dissimilaridade;

NNC = Número de não coincidência.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No que diz respeito aos descritores morfoagronômicos, observou-se grande variação no comportamento dos acessos da coleção de amendoim do CCA/UFC (Tabela 2). Aproximadamente 77% dos acessos apresentaram o tipo de ramificação sequencial, enquanto que os demais exibiram ramificação do tipo alternada. Esse comportamento foi similar para o caráter presença de flores no eixo principal, com todos os acessos pertencentes aos grupos botânicos Valência ou Spanish. Os mesmos acessos que tiveram a ramificação do tipo sequencial, também apresentaram flores no eixo principal, assim como aqueles com ramificação do tipo alternada não exibiram flores no eixo principal. Contudo, todos os acessos que expressaram este último fenótipo são do grupo botânico Virginia. Conforme Alvarez *et al.* (2005), a ramificação com comportamento sequencial é típica dos grupos Valência e Spanish, assim como do tipo alternada são do Virgínia.

Tabela 2 - Caracterização dos 43 acessos de amendoim por meio de descritores morfoagronômicos. Fortaleza, Ceará, 2015.

Registro no CCA/UFC	TR	HC	PFEP	CGIN	CS	CF	FF	CPF	NRS	NRT	C
EAC-002	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,6	1,0	90
EAC-003	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Vermelha	Verde clara	Elíptico	Grande	4,6	1,0	90
EAC-008	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Vermelha escura	Verde clara	Elíptico	Médio	4,8	-	90
EAC-010	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Vermelha escura	Verde	Elíptico	Médio	4,4	1,3	90
EAC-011	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha escura	Verde	Elíptico	Médio	5,4	2,0	90
EAC-015	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha	Verde	Cuneado	Médio	4,2	0,5	90
EAC-018	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha	Verde escura	Elíptico	Médio	4,0	0,7	90
EAC-020	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,1	-	90
EAC-021	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha	Verde	Elíptico	Médio	4,5	0,8	90
EAC-022	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	4,2	0,5	90
EAC-024	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha	Verde escura	Elíptico	Médio	4,7	1,5	90
EAC-025	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Vermelha	Verde	Elíptico	Médio	4,5	0,8	90
EAC-026	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Vermelha escura	Verde escura	Elíptico	Médio	3,4	-	90
EAC-027	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	4,9	1,6	90
EAC-030	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Grande	4,8	-	90
EAC-034	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde escura	Elíptico	Médio	5,7	1,4	90
EAC-035	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Rosada	Verde	Elíptico	Médio	5,4	2,8	90
EAC-038	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Verde	Creme	Verde	Elíptico	Pequeno	6,9	4,9	90
EAC-039	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde	Elíptico	Médio	4,1	-	90
EAC-040	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,8	-	90
EAC-041	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	5,4	-	90
EAC-042	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	3,4	1,3	90
EAC-043	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	5,5	-	90
EAC-044	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde	Elíptico	Médio	4,4	-	90
EAC-045	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	5,9	3,8	90
EAC-046	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	5,8	0,3	90
EAC-048	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	4,0	0,5	90
EAC-050	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,6	1,0	90
EAC-052	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Creme	Verde	Elíptico	Médio	3,5	0,7	90
EAC-056	Alternada	Decumbente-3	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde escura	Lanceolado	Pequeno	5,7	11,0	110
EAC-057	Alternada	Ereto	Não	Verde	Rosada manchada	Verde escura	Obovado	Pequeno	7,1	7,0	110
EAC-061	Alternada	Procumbente	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde	Elíptico	Médio	5,3	10,9	110
EAC-062	Alternada	Decumbente-1	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde escura	Lanceolado	Médio	5,9	11,2	110
EAC-068	Alternada	Decumbente-3	Não	Roxa	Castanha Clara	Verde	Elíptico	Médio	4,2	-	110
EAC-070	Alternada	Decumbente-3	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde	Elíptico	Pequeno	6,2	9,9	110
EAC-076	Alternada	Ereto	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde	Elíptico	Médio	5,6	7,0	110
EAC-077	Alternada	Procumbente	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde escura	Elíptico	Pequeno	5,9	9,2	110
EAC-085	Alternada	Decumbente-3	Não	Roxa	Rosada manchada	Verde	Elíptico	Médio	6,0	5,1	110
EAC-086	Alternada	Decumbente-3	Não	Roxa	Rosada	Verde	Elíptico	Médio	5,5	5,0	110
EAC-088	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,0	-	90
EAC-089	Sequencial	Decumbente-3	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Elíptico	Médio	4,1	-	90
EAC-106	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Castanha Clara	Verde clara	Obovado	Médio	4,9	1,3	90
BR-1 (Testemunha)	Sequencial	Ereto	Sim	Roxa	Vermelha	Verde clara	Elíptico	Médio	4,5	-	90

TR = tipo de ramificação; HC= hábito de crescimento; PFEP = presença de flores no eixo principal; CGIN = coloração de ginóforo; CS = coloração de película de semente; CF = coloração de folíolo; FF = formato de folíolo; CPF = comprimento de folíolo; NRS = número de ramificações secundárias; NRT = número de ramificações terciárias e C = ciclo (em dias).

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

Em contrapartida, aproximadamente 60% dos acessos tiveram o hábito de crescimento do tipo decumbente-3, e 33% apresentaram-se com hábito de crescimento do tipo ereto, os outros 7% dividiram-se entre procumbente e decumbente-1. Todos os acessos foram classificados como precoce ou semi-precoce, já que tiveram o ciclo finalizado entre 90 e 110 dias.

A precocidade e o porte ereto destacam-se como características desejáveis para um cultivar de amendoim a ser recomendado para as condições do Nordeste, pois apresentam importantes implicações agrônômicas como maior aproveitamento das chuvas em materiais de ciclo curto (SANTOS *et al.*, 2013). Dessa forma, menos tempo as plantas ficarão no campo, reduzindo com isso o risco de perdas em produção provocada pela estiagem. Além disso, cultivares de porte ereto possibilitam maior adensamento em campo e, apesar de serem menos produtivos, há um efeito compensatório quando se considera a área de produção (DUARTE; MELO FILHO; SANTOS, 2013).

A estrutura vegetativa dos acessos de amendoim de porte rasteiro (procumbente, decumbente-1 e decumbente-2) que geralmente são alocados no grupo botânico Virgínia, possibilita maior contato do ginóforo com o solo (CUSTÓDIO; SANTOS, 2000; LUZ *et al.*, 2010; SANTOS) fato esse também observado no presente estudo. Ainda segundo os mesmos autores, plantas de porte ereto e semi-ereto (decumbente-3) apresentam suas gemas floríferas mais distantes do solo, o que não contribui na eficiência reprodutiva da cultura.

A maioria dos descritores morfoagronômicos, apresenta herança monogênica, isto é, são controlados por um ou poucos genes, sofrendo pouca influência do ambiente. Neste sentido, como há variabilidade para esses caracteres, a seleção praticada pelo melhorista pode ser a nível de indivíduo, devendo sempre buscar atender as exigências de mercado.

De todos os descritores, a coloração do ginóforo foi a que menos variou. Apenas dois acessos (EAC-038 e EAC-057) apresentaram a coloração verde de ginóforo, enquanto que os demais exibiram coloração roxa. Porém, para a coloração da película da semente houve uma variação entre as cores castanha clara, vermelha, vermelha escura, creme, rosada e rosada manchada. Com relação aos caracteres envolvendo o folíolo, houve uma predominância da coloração verde, do formato elíptico e do comprimento médio.

Para a característica número de ramificações secundárias foi identificada uma grande variação, sendo observados desde um valor médio de 3,4 ramificações para os acessos EAC-026 e EAC-042 a 7,1 ramificações para o acesso EAC-057. A variação também foi evidente para o número de ramificações terciárias, sendo observadas desde um valor médio de 0,3 para o acesso EAC-046 e 11,2 para o acesso EAC-062. Contudo, aproximadamente 30%

desses acessos não apresentaram as ramificações terciárias, o que pode ter influência na produtividade dos acessos, pois segundo Silveira (2010) o aumento do número de ramificações secundárias e totais por planta, promove o aumento do número de ginóforos, e estes se correlacionam com a produção de sementes.

É notável a distinção entre os grupos botânicos e suas características mais discrepantes. Como por exemplo, a cor da semente que para Virginia tem-se principalmente a cor rosada manchada, para Spanish a cor castanha clara e para Valência a cor vermelha escura. Entretanto, no geral os caracteres analisados também demonstram uma relação positiva entre os grupos Spanish e Valência, como no hábito de crescimento, no ciclo, no tipo de ramificação e na presença de flores na haste principal.

Entre os caracteres quantitativos estudados, a massa de cem grãos se mostrou o principal fator discriminante entre os acessos, com porcentagem relativa de 22,11% (Tabela 3). Além deste, outros três caracteres apresentaram grande contribuição para distinção entre os acessos, os quais foram: número de dias transcorridos para o surgimento da primeira flor, número de dias transcorridos para que 50% do estande atingissem o florescimento e porcentagem de frutos imaturos, onde os quatro caracteres juntos representaram 63,85% da contribuição para a divergência.

Tabela 3 - Contribuição relativa dos caracteres quantitativos para a diversidade genética conforme metodologia proposta por Singh (1981) baseado na distância generalizada de Mahalanobis, obtida em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.

Caráter	Contribuição relativa	
	S _i	%
ND1 ^a F	7608,702	16,18
ND50%F	5983,126	12,72
AP	3803,439	8,09
RS/F	3905,272	8,30
CVa	4313,301	9,17
NFP	2004,021	4,26
%FI	6039,257	12,84
PP	2353,536	5,00
M ₁₀₀ G	10395,897	22,11
PROD	618,251	1,31

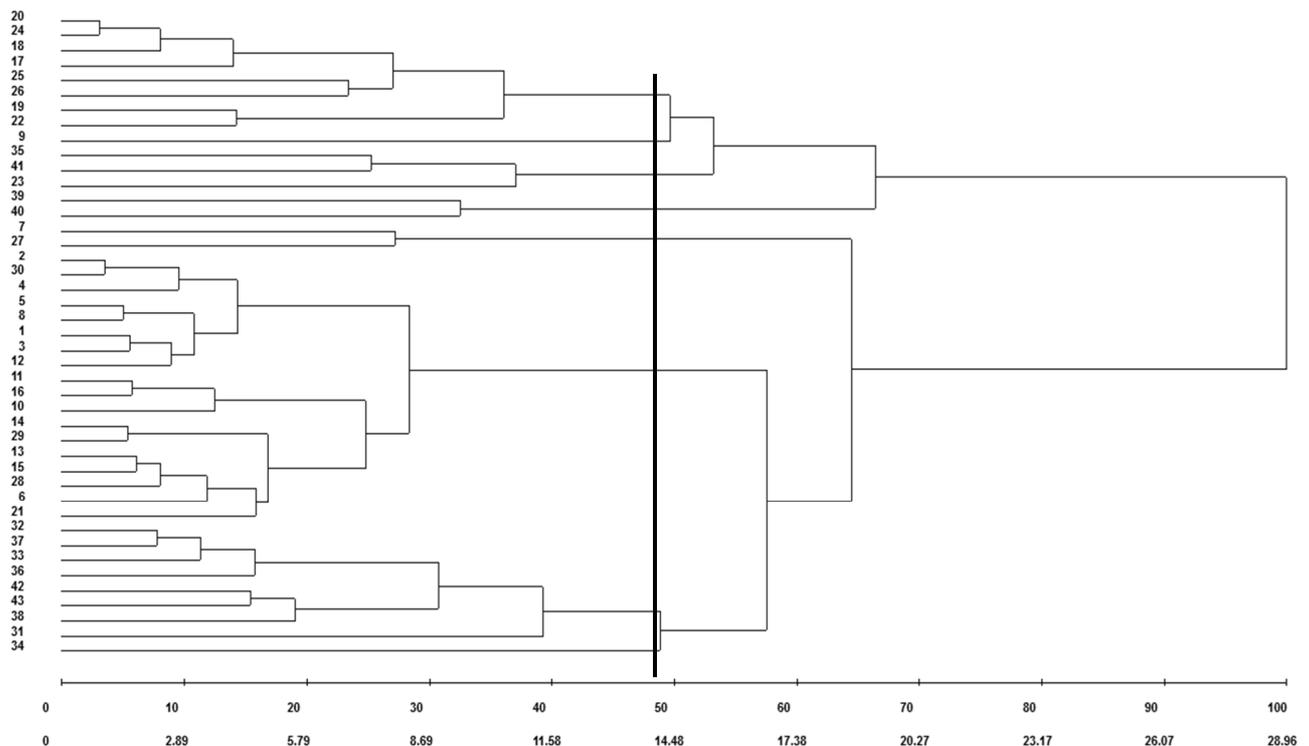
ND1^aF = número de dias transcorridos para o surgimento da primeira flor; ND50%F = número de dias transcorridos para que 50% do estande atingisse o florescimento; AP = altura de planta (em cm); RS/F = razão entre semente e fruto; CVa = comprimento da vagem (em cm); NFP = número de frutos por planta; %FI = porcentagem de frutos imaturos; PP = produção por planta (em g); M₁₀₀G = massa de cem grãos (em g); PROD = produtividade (kg ha⁻¹).

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

Pelo agrupamento obtido com o método de ligação completa, houve a formação de oito grupos com base na distância generalizada de Mahalanobis (Figura 1). O grupo I foi constituído pelos acessos EAC-056, EAC-057, EAC-061, EAC-062, EAC-070, EAC-077,

EAC-085 e EAC-086. Neste, 100% dos acessos é do grupo botânico Virgínia (Tabela 1). O grupo II foi formado por apenas EAC-035, uma vez que este acesso apresentou mais de 50% de nível de dissimilaridade em relação ao grupo I. O grupo III foi formado pelos acessos EAC-024, EAC-046, EAC-076, os quais pertencem aos grupos Valência, Spanish e Virginia respectivamente. O grupo IV foi formado por dois acessos, sendo estes EAC-038 e EAC-045, ambos pertencentes ao grupo Spanish.

Figura 1 - Dendrograma entre 43 acessos de amendoim, obtido pelo método Ligação Completa – vizinho mais distante, baseado em sete caracteres. Fortaleza, Ceará, 2015.



Acessos: (1) = EAC-002; (2) = EAC-003; (3) = EAC-008; (4) = EAC-010; (5) = EAC-011; (6) = EAC-020; (7) = EAC-026; (8) = EAC-030; (9) = EAC-035; (10) = EAC-039; (11) = EAC-040; (12) = EAC-041; (13) = EAC-042; (14) = EAC-043; (15) = EAC-044; (16) = EAC-050; (17) = EAC-056; (18) = EAC-061; (19) = EAC-062; (20) = EAC-068; (21) = EAC-070; (22) = EAC-076; (23) = EAC-077; (24) = EAC-085; (25) = EAC-086; (26) = EAC-088; (27) = EAC-089; (28) = EAC-106; (29) = EAC-105; (30) = EAC-015; (31) = EAC-018; (32) = EAC-021; (33) = EAC-022; (34) = EAC-024; (35) = EAC-025; (36) = EAC-027; (37) = EAC-034; (38) = EAC-038; (39) = EAC-045; (40) = EAC-046; (41) = EAC-048; (42) = EAC-048; (43) = EAC-052.

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

Os grupos V e VII foram formados apenas por acessos dos grupos Valência e Spanish. No grupo V estão presentes os acessos EAC 026 e 088, enquanto que no grupo VII encontram-se EAC-015, EAC-018, EAC-021, EAC-022, EAC-025, EAC-027, EAC-034, EAC-048 e EAC-052. O grupo VI foi composto pelos demais acessos avaliados no presente estudo e não classificados nos grupos supracitados. Vale ressaltar que neste último se encontram acessos dos três grupos botânicos, com 50% pertencente ao Spanish e 44,44% ao

Valência. O grupo VIII foi formado apenas pelo acesso EAC-022, pertencente ao grupo Valência.

Segundo SUDRÉ *et al.* (2006), a análise multivariada possibilita inferir sobre a diversidade genética de genótipos com base em diversos caracteres simultaneamente. Assim, caracteres que contribuem muito pouco para o cômputo da dissimilaridade genética entre materiais genéticos, devem ser eliminados de análises subsequentes. O caráter produção, um dos mais importantes independente da cultura, foi o que contribuiu menos neste sentido. Com isso, para uma discriminação eficiente dos acessos da coleção do CCA/UFC, devem ser considerados os caracteres relacionados à precocidade, número de dias para o surgimento da primeira flor e número de dias para que 50% do estande atinjam o florescimento e os caracteres associados à produção, percentagem de frutos imaturos e massa de cem grãos.

Os grupos botânicos são formados a partir de classificações agrônômicas baseadas em características vegetativas e reprodutivas permitindo distinção entre subespécies. Assim, genótipos do grupo Virgínia apresentam características morfológicas de representantes da subespécie *hypogaea*, *var. hypogaea*. Por outro lado, os grupos Valência e Spanish são denominações dos grupos morfológicos associados à subespécie *fastigiata* (variedades *fastigiata* e *vulgaris*, respectivamente). A formação dos grupos V, VI, VII e VIII, em que se observa a presença somente ou majoritariamente dos grupos Spanish e Valência pode ser uma consequência disto. Provavelmente, a subespécie determinou a semelhança nas características dos acessos estudados. Além do mais, observou-se que o grupo I foi formado apenas por acessos do grupo Virginia.

He e Prakash (2001) verificaram a formação de dois grupos principais entre diferentes cultivares de amendoim, no qual não foi caracterizada uma associação com a classificação botânica. Nesse estudo, os dois grupos formados mesmo com a presença do Virginia, Valência e Spanish no seu conjunto, demonstraram prevalência de um dos três grupos botânicos no geral. Observou-se no primeiro grupo que 64,28% dos cultivares pertenciam ao grupo Virginia e no segundo grupo 55,17% ao Valência.

A fim de simplificar o conjunto de dados, componentes principais também foram obtidos em relação aos sete caracteres quantitativos avaliados nos acessos de amendoim. A partir da estimativa dos autovalores e autovetores, obtidos da matriz de covariância entre os valores padronizados, observou-se 71% da variação retida nos dois primeiros componentes, o que de certa forma justificaria o uso de um gráfico bidimensional (Tabela 4). No entanto, optou-se pela dispersão gráfica tridimensional (Figura 2) para se ter uma noção de profundidade, sendo considerados simultaneamente os escores dos três primeiros

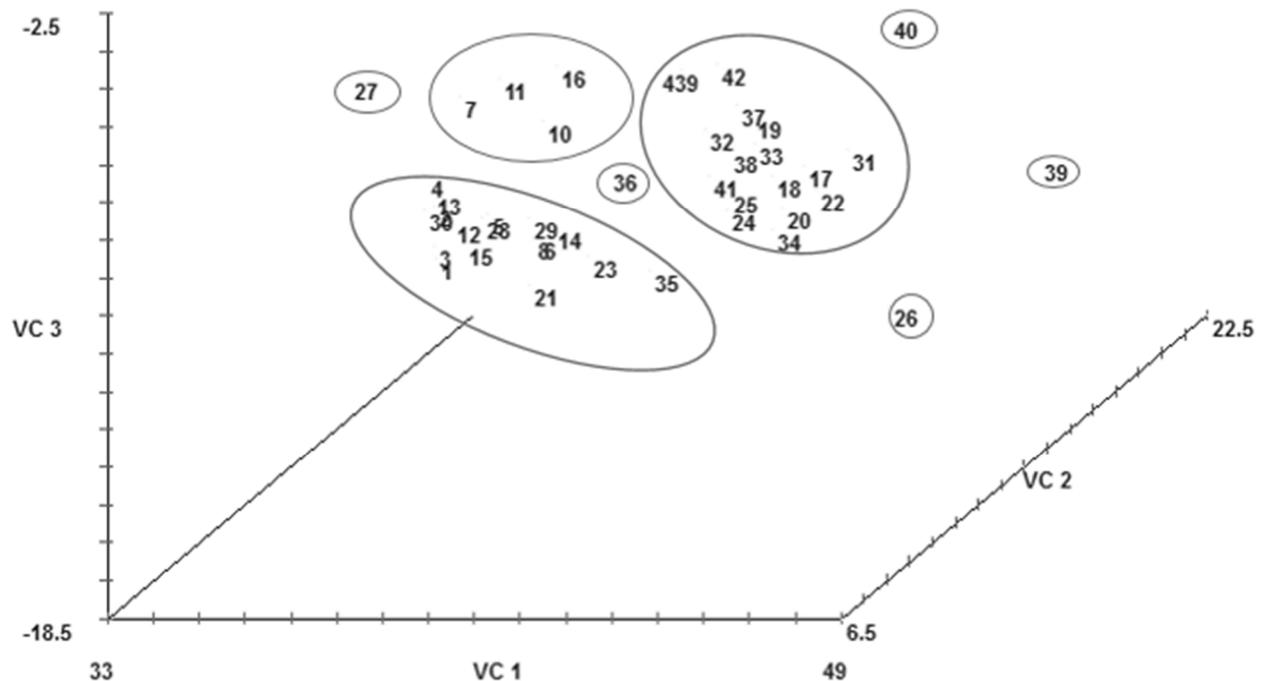
componentes principais. Esses resultados remetem a uma variação acumulada de 81,07% com os três primeiros componentes, visto que segundo Cruz e Carneiro (2006), variações acumuladas que somem mais que 80% nos primeiros componentes principais possibilitam uma análise por meio de gráficos de dispersão.

Tabela 4 – Estimativas das variâncias (autovalores) associadas aos componentes principais relativos aos sete caracteres quantitativos avaliados em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.

Autovalor	Autovalor (%)	% acumulada
11,154	49,824	49,824
4,876	21,782	71,606
2,118	9,459	81,065
1,892	8,452	89,517
1,159	5,176	94,694
0,957	4,276	98,969
0,231	1,031	100,000

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

Figura 2 – Dispersão gráfica dos escores de 43 acessos de amendoim em relação aos eixos representativos das variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3) baseados em sete caracteres. Fortaleza, Ceará, 2015.



Acessos: (1) = EAC-002; (2) = EAC-003; (3) = EAC-008; (4) = EAC-010; (5) = EAC-011; (6) = EAC-020; (7) = EAC-026; (8) = EAC-030; (9) = EAC-035; (10) = EAC-039; (11) = EAC-040; (12) = EAC-041; (13) = EAC-042; (14) = EAC-043; (15) = EAC-044; (16) = EAC-050; (17) = EAC-056; (18) = EAC-057; (19) = EAC-061; (20) = EAC-062; (21) = EAC-068; (22) = EAC-070; (23) = EAC-076; (24) = EAC-077; (25) = EAC-085; (26) = EAC-086; (27) = EAC-088; (28) = EAC-089; (29) = EAC-0106; (30) = EAC-105; (31) = EAC-015; (32) =

EAC-018; (33) = EAC-021; (34) = EAC-022; (35) = EAC-024; (36) = EAC-025; (37) = EAC-027; (38) = EAC-034; (39) = EAC-038; (40) = EAC-045; (41) = EAC-046; (42) = EAC-048; (43) = EAC-052.
 Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

A inspeção visual dos escores no gráfico permitiu subjetivamente dividir os 43 acessos em oito grupos. Grupo 1: EAC-088, pertencente ao grupo botânico Spanish. Grupo 2: EAC-026, EAC-039, EAC-040 e EAC-050, nesse grupo 75% dos acessos pertencem ao grupo botânico Spanish e apenas 25% pertencem ao grupo Valência. Grupo 3: (EAC-002, EAC-003, EAC-008, EAC-010, EAC-011, EAC-020, EAC-024, EAC-030, EAC-041, EAC-042, EAC-043, EAC-044, EAC-068, EAC-076, EAC-089, EAC-105 e EAC-106. Nesse grupo há acessos pertencentes aos três grupos botânicos, sendo 52,94% dos acessos do grupo botânico Valência e 35,29% do Spanish. Grupo 4: EAC-025 do grupo botânico Valência. Grupo 5: EAC-015, EAC-018, EAC-021, EAC-022, EAC-027, EAC-034, EAC-035, EAC-046, EAC-048, EAC-052, EAC-056, EAC-057, EAC-061, EAC-062, EAC-070, EAC-077 e EAC-085. Nesse grupo, semelhante ao terceiro, há acessos pertencentes aos três grupos botânicos, sendo os grupos Valência e Virgínia com 41,17% dos acessos cada. Grupo 6: EAC-045 do grupo botânico Spanish. Grupo 7: EAC-038 do grupo botânico Spanish, e o grupo 8 com o acesso EAC-086 do grupo botânico Virgínia.

Houve para a grande maioria dos acessos, coincidência na formação dos grupos por ambos os procedimentos. O índice de coincidência quando se considerou tanto o dendrograma quanto a dispersão gráfica foi de média magnitude (Tabela 5). Contudo, a divisão de grupos pelo dendrograma apresentou-se a mais conservadora aos grupos botânicos já estabelecidos. Isto mostra que há uma associação entre os grupos botânicos e diversidade genética, ou seja, acessos que pertencem às classes botânicas distintas tendem a ser mais dissimilares que aqueles pertencentes ao mesmo grupo.

Tabela 5 – Índices de coincidência entre a formação de grupos botânicos e grupos formados pelos procedimentos do dendrograma e dispersão gráfica considerando sete caracteres quantitativos avaliados em 43 acessos de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma do CCA/UFC. Fortaleza, Ceará, 2015.

	Dendrograma	Dispersão gráfica
Índice de coincidência	0,628	0,558

Fonte: Elaborado pelo autor, 2015.

De acordo com Souza *et al.* (2005), essa informação pode ser bastante útil a programas de melhoramento, já que em atividades de hibridação não só é avaliado o desempenho agrônômico, mas também a complementaridade gênica para formação de

populações segregantes. Ademais, essa informação pode dispensar avaliações e análises mais criteriosas para definir genitores a serem empregados em programas de melhoramento genético.

Diante da grande variabilidade constatada para os diversos caracteres, sejam esses morfológicos ou agronômicos, observou-se um grande potencial dos acessos pertencentes à coleção de germoplasma de amendoim do CCA/UFC tanto para a realização de estudos voltados a herança ou controle genético de caracteres ou para obtenção de cultivares que podem vir a ser futuramente recomendados para o estado. De qualquer forma, o melhorista deve estar atento às exigências dos produtores de amendoim do estado. Para isso, é recomendável inserir no bloco de cruzamentos, genitores que apresentem precocidade, porte ereto, uma produção por planta satisfatória, baixo percentual de vagens imaturas, mas uma produtividade adequada (DUARTE; MELO FILHO; SANTOS, 2013). Com essas orientações, é muito provável que o programa de melhoramento alcance o sucesso esperado e assim cumpra com os seus objetivos e metas estabelecidas.

5. CONCLUSÕES

1. Os acessos de amendoim da coleção de germoplasma do CCA/UFC apresentam variabilidade genética e alguns devem ser usados como genitores para os próximos programas de melhoramento.
2. Os métodos de análise multivariada, distância generalizada de Mahalanobis, ligação completa e otimização de Tocher, usados nesse estudo foram eficientes para separar os acessos com maior dissimilaridade genética.
3. Há concordância média magnitude entre os grupos botânicos e diversidade genética.
4. Cruzamentos entre acessos do grupo botânico Spanish ou Valência com aqueles pertencentes ao grupo Virgínia devem gerar populações segregantes com maior complementação gênica.

6. 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, p. 247-258, 2012.
- ALLARD, R. W. Princípios de melhoramento genético de plantas. Rio de Janeiro: USAID, 373. 1971.
- ALVAREZ, R.C. F.; RODRIGUES, J.D.; MARUBAYASHI, O.M.; ALVAREZ, A.C.; CRUSCIOL, C.A.C. Análise de crescimento de duas cultivares de amendoim (*Arachis hypogaea* L.). *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 27, p. 611-616, Oct./Dec., 2005.
- BESPALHOK F.J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de plantas autógamas por hibridação. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de Plantas. Disponível em < <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%207.pdf>> Acesso em 17 de jun. de 2016.
- BORGES, W.L; XAVIER, G.R., RUMJANEK, N.G. **Variabilidade genética entre acessos de amendoim**. Pesquisa Agropecuária Brasileira. v.42, p.1151-1157, Brasília, ago. 2007.
- CASTELLEN, M.S.; LEDO, C. A. S.; OLIVEIRA, E. J.; MONTEIRO FILHO, L. S.; DANTAS, J. L. L. Caracterização de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão por meio de análise multivariada. Cruz das Almas: **Magistra**, v.19, p.299-303, 2007.
- CONAB — Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira- Grãos. V.3- Safra 2015/2016- N.9- nono levantamento, p. 77. Junho, 2016.
- COSTA, N.C. Proposta de preços mínimos. Safra 2015/2016. Produtos da Safra de Verão. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Conab). Vol I. Brasília, 2015.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 1997. 390 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4º ed. Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

- FREITAS, J.P.X.; OLIVEIRA, E.J.; CRUZ NETO, A.J.; SANTOS, L.R. **Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 46, n. 9, p. 1013-1020, 2011.
- DUARTE, E.A.A.; MELO FILHO, P.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, p. 843-847, 2013.
- ESQUIVEL, M., FUNDORA, Z., HAMMER, K. **Peanut (*Arachis hypogaea* L.) genetic resources in Cuba**. 11. Preliminary germoplasm evaluation. FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsletters, Roma, v. 91/92, p. 17-20, 1993.
- GARCIA, S.L.R. **Importância de características de crescimento, de crescimento da madeira e da polpa na diversidade genética de clones de eucalipto**. 1998. 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.
- 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, p.257-260, 2009.
- GODOY, I.J.; MORAES, S.A.; ZANOTTO, M.D.; SANTOS, R.C. **Melhoramento do Amendoim**. In: BOREM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. 2.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. p.51-102.
- HAWKES, J.G. **Germplasm collection, preservation, and use**. In: FREY, K. J., ed. Plant Breeding II. Ludhiana: Kaliany Publishers, 1982. p. 57-83.
- HE, G.; PRAKASH, C.S. **Evaluation of genetic relationship among botanical varieties of cultivated peanut (*Arachishypogaea* L.) using AFLP markers**. Genetic Resources and Crop Evolution, v. 48, p. 347-352, 2001.
- JACCARD, P. **Étude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura**. Bulletin de la Societé Voudoise des Sciencies Natureller. P.547-579, 1901.
- JUDD, W. S.; CAMPBELL, C. S.; KELLOGG, E. A.; STEVENS, P. F. **Plant systematics: a phylogenetic approach**. Massachusetts: Sinauer Associates, 1999. 464p.
- KENDALL, M.G. **Factor analysis as a statistical techniques**. Journal of the Royal Statistical Society, v. 12, p.60-73, 1950.
- KUMAR, I.S.; MARAPA, N.; GOVINDARAJ, M. **Classification of new germplasm and advanced breeding lines of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) through principal component analysis**. Legume Research. v. 33, p. 242-248, 2010.
- LOURENZANI, W.L.; LOURENZANI, A.E.B.S. **Potencialidades do agronegócio brasileiro de amendoim**. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, 44., 2006, Fortaleza, Ceará, Brasil. Anais... Fortaleza: Sober, 2006. CD-ROM.

- LUZ, L.N. da; SANTOS, R.C. dos; MELO FILHO, P.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.
- MARIM, B.G.; SILVA, D.J.H.; CARNEIRO, P.C.S.; MIRANDA, G.V.; MATTEDI, A.P.; CALIMAN, F.R.B. **Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 44, p. 1283-1290, 2009.
- MENEZES, A.P.M. **Caracterização morfológica, divergência genética e correlação entre caracteres em genótipos de amendoim forrageiro**. 2011. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-graduação em Agronomia. Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2011.
- MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. **Analysis of genetic diversity in crop plants – saliente statistical tools and considerations**. Crop Science, v.43, p.1.235-1.248,2003.
- MOLL, R.H.; LONQUIST, J.H.; VÉLEZ FORTUNO, J.; JOHNSON, E.C. **The relationship of heterosis and genetic divergence in maize**. Genetics, v.52, p.139-144, 1965.
- MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1981. 504 p.
- NASS, L. L. **Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento**. In: NASS, L.L.; VALOIS A.C.C; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (eds.) Recursos genéticos e melhoramento: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 30-55.
- NASS, L.L. **Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento**. In: NASS, L.L. et al. (Eds.). Recursos Genéticos e Melhoramento. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.29-56.
- NOGUEIRA, R.J.M.C.; TÁVORA, F.J.A.F. **Ecofisiologia do amendoim (*Arachis hypogaea* L.)**. In: Santos, R. C. (Ed.): O Agronegócio do amendoim no Brasil. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2005. p. 71-122.
- NOGUEIRA, R.J.M.C.; TÁVORA, F.J.A.F.; ALBUQUERQUE, M.B.; NASCIMENTO, H.H.C.; SANTOS, R.C. **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. 71-113.
- PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. **O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma**. In: UDRY, C.W.; DUARTE, W. (Org.). Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Brasília: Paralelo 15, 2000. p.11-41.
- QADRI, M.T.; KHUNTI, U.P. **Genetic variability in bunch groundnut**. Crop Improvement, v. 9, p. 98-100, 1982.
- QUEIRÓZ, M.A. **Os recursos genéticos vegetais e os melhoristas de plantas**. Petrolina, 1999.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Lavras: Editora UFLA, 2000. 472 p.

- RAMALHO, M.A.P.; LAMBERT, E. de S. **Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica**. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.3, p.228-249, 2004.
- RAMOS, J.P.C.; LUZ, L.N.; CAVALCANTI, J.J.V.; LIMA, L.M.; FREIRE, R.M.M.; MELO FILHO, P.A.; SANTOS, R.C. **Clustering fastigiata peanut accessions for selection of early-mature types suitable for the food Market**. Australian Journal of Crop Science, v.9, p. 1089-1094, 2015.
- RESENDE, M.D.V. **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, p. 1-10, 2013.
- SANTOS, C.A.F.; OLIVEIRA, C.A.V.; MENEZES, E.A. **Seleção de descritores na caracterização e avaliação preliminar de germoplasma de guandu**. Pesquisa Agropecuária brasileira, Brasília, v. 30, p. 971-975, jul. 1995.
- SANTOS, R.C. **Embrapa releases BRS 151 L7, a large-seeded groundnut cultivar for the Northeast region in Brasil**. International *Arachis* Newsletter, Andhra Pradesh, p.11-12, 1998.
- SANTOS, R.C.; GODOY, I. J.; FÁVERO, P. A. **Melhoramento do amendoim e cultivares comerciais**. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R.M.M.; LIMA, L.M. O Agronegócio do amendoim no Brasil. EMBRAPA, 2^a ed.; p. 116-184, DF, 2013.
- SANTOS, R.C.; 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, p.55-59, 2000.
- SANTOS, R.C. **Peanut crop: a viable alternative to Brazilian Northeast growers**. Ciência e Cultura, São Paulo, v.47, p. 9-10, 1995.
- SANTOS, R.C.; QUEIROZ, C.M.; BATISTA, VANDRÉ, G.L.B.; SILVA, C.R.C.; PINHEIRO, M.P.N.; GALVÃO FILHO, A.L.A.; MELO FILHO, P.A.; LIMA, L.M. **Variabilidade de progênies F2 de amendoim geradas por meio de seleção de genitores ISSR-divergentes**. Revista Ciência Agronômica, v. 44, p. 578-586, 2013.
- SANTOS, R.C. **Utilização de recursos genéticos e melhoramento de *Arachis hypogaea* L. no Nordeste Brasileiro**. In: Queiróz, M.A., Goedert, C.O., Ramos, S.R.R., editors. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro. Petrolina/Brasília: Embrapa Semi-Árido/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; 1999.
- SANTOS, R.F. **Desenvolvimento de ferramentas genéticas e genômicas para introgressão de genes silvestres no amendoim cultivado**. 2010. 55 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal de Brasília, Brasília. 2010.
- SANTOS, T.S.; ALMEIDA, F.A.C.; SUASSUNA, T.M.F.; COUTINHO, W.M.; ALMEIDA, P.B.A. **Respostas de sementes de amendoim a diferentes doses de radiação gama (60Co)1**. Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, v. 14, p. 1074–1078, Campina Grande, PB, 2010.

- SILVEIRA, P.S. da. **Época de semeadura e densidade de plantas em cultivares de amendoim no Recôncavo Sul Baiano**. 2010. 95 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas. 2010.
- SILVEIRA, P.S.; PEIXOTO, C.P.; SANTOS, W.J.; SANTOS, I.J.; PASSOS, A.R.; BLOISI, A.M. **Teor de proteína e óleo de amendoim em diferentes épocas de semeadura e densidades de plantas**. Revista da FZVA. Uruguaiana, v. 18, p. 34-45. 2011.
- SINGH, D. **The relative importance of characters affecting genetic divergence**. The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, v. 41, p. 237-245, 1981.
- SOUZA, F.F.; QUEIRÓZ, M.A.; DIAS, R.C.S. **Divergência genética entre linhagens de melancia**. Horticultura Brasileira, v.23, p.179-183, 2005.
- SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. **Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas**. Horticultura brasileira, v. 23, p. 22-27, 2005.
- SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C.D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SILVA, D.J.H.; PEREIRA, T.N.S. **Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão**. Horticultura Brasileira, v. 24, p. 88-93, 2006.
- TANKSLEY, S.D.; NELSON, J.C. **Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines**. Theoretical and Applied Genetics, v.92, p.191-203, 1996.
- TOQUICA, S.P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTINEZ, E.; DUQUE, M.C.; TOHME, J. **Molecular characterization by AFLPs of Capsicum germplasm from the Amazon department in Colombia**. Genetic Resources and Crop Evolution, v.50, p.639-647, 2003.
- TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. 150 f. Tese de doutorado (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia). Mossoró-RN. UFERSA, 2008.
- USDA. United States Departamento of Agriculture. **Oilseeds: world markets and trade**. Foreign Agricultural Service. November 2014. Disponível em: <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>. Acesso em: 19 de Junho 2016.
- VALLS, J. F. M. Recursos genéticos de *Arachis*: Avanços no conhecimento botânico e a situação atual de conservação e uso. Agrociência. Vol. IX, pág. 123-132, 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. 2ª ed.; DF, 2013, p. 45-70.
- VALOIS, A.C.C.; SALOMÃO, A.N.; ALLEM, A.C. Glossário de recursos genéticos vegetais. Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1996. 62 p. (Documentos, 22).

VEIGA, R.F.A.; NAGAI, V.; GODOY, I.J.; CARVALHO, L.H.; MARTINS, A.L.M. **Caracterização morfológica de acessos de amendoim: Avaliação de sensibilidade de alguns descritores.** *Bragantia*. Campinas, v. 55, p. 45-56, 1996.

XAVIER, A. Aplicação da Análise Multivariada da Divergência Genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp. Viçosa: UFV, 1996. 129f. Tese (Doutorado Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

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.

WYNNE, J.C.; GREGORY, W.C. **Peanut breeding.** *Advances in Agronomy*, v.34, p. 39 - 68, 1981.

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.