



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA

FERNANDA CARLA FERREIRA DE PONTES

**CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES DETERMINANTES DE ASPECTOS
VISUAIS E DA PRODUÇÃO EM AMENDOIM**

FORTALEZA

2019

FERNANDA CARLA FERREIRA DE PONTES

CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES DETERMINANTES DE ASPECTOS
VISUAIS E DA PRODUÇÃO EM AMENDOIM

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/ Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva
Coorientador: Prof. Dr. Lucas Nunes da Luz

FORTALEZA

2019

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)

- P858c Pontes, Fernanda Carla Ferreira de.
Controle genético de caracteres determinantes de aspectos visuais e da produção em amendoim /
Fernanda Carla Ferreira de Pontes. – 2019.
58 f. : il. color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de
Pós-Graduação em Agronomia (Fitotecnia), Fortaleza, 2019.
Orientação: Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva .
Coorientação: Prof. Dr. Lucas Nunes da Luz.
1. *Arachis hypogaea* L.. 2. Dialelo.. 3. Efeito materno e herança extracromossômica. . 4. Efeito gênico
aditivo e não aditivo.. I. Título.

CDD 630

FERNANDA CARLA FERREIRA DE PONTES

CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES DETERMINANTES DE ASPECTOS
VISUAIS E DA PRODUÇÃO EM AMENDOIM

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Aprovada em: ____/____/____

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Lucas Nunes da Luz (Coorientador)
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB)

Prof^ª. Dr^ª. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini (Conselheira)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr^ª. Elaine Facco Celin (Conselheira)
Pós-doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da UFC (UFC)

À Deus, criador de todas as coisas e dono de todo saber, por sempre me conceder força e coragem para ir em busca dos meus objetivos, mostrando o melhor caminho a seguir.

A minha mãezinha do céu, Maria Santíssima, que sempre me carrega nos braços especialmente nos momentos de extrema fragilidade.

A minha mãezinha da Terra (também Maria), Maria do Rosário, minha maior incentivadora, me fazendo acreditar que nada é impossível.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo bem mais precioso que possuo, a vida. Por estar sempre comigo, em todos os momentos. Pelas bênçãos recebidas, pela saúde e proteção oferecida, por não ter me deixado fraquejar nos momentos de insegurança e por sempre iluminar meus passos e guiar meu caminho para o melhor, por mais que algumas vezes eu não entenda os propósitos, mas sei que Ele está comigo, sempre!

A Nossa Senhora, minha mãezinha, minha fiel intercessora, pelo cuidado, amor e zelo. Pois bem sei que uma Mãe não desampara seus filhos.

A minha mãe, Rosário, pessoa mais importante da minha vida e que mais amo. Obrigada pelo amor, carinho, incentivos, cuidados, ensinamentos, orações em todos os momentos e que jamais conseguirei retribuir. Obrigada por nunca medir esforços para fazer qualquer coisa para mim e por mim. À você mãe, minha eterna gratidão.

Ao meu pai, Carlos, pelos, conselhos, apoio, amor e carinho que sempre me dedicou. Obrigada por sempre se fazer presente nos momentos mais importantes de minha vida.

Ao Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva pelo profissional dedicado. Obrigada pelos ensinamentos, orientação, apoio, atenção, ajuda nos trabalhos.

Ao Prof. Dr. Lucas Nunes da Luz pelos ensinamentos e pela ajuda para desenvolver este trabalho. O qual agradeço em nome à UNILAB (Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro Brasileira) por propiciar condições para realização deste trabalho.

Aos membros da banca examinadora, Prof^ª. Dr^ª. Cândida Bertini e Dr^ª. Elaine Celin pela disponibilidade em participar e pelas contribuições pessoais acerca da dissertação.

Aos professores, que contribuíram e contribuem para minha formação.

À Universidade Federal do Ceará, em nome do programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade da realização deste curso.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

À minha família (tios, tias, avó, primas e primos...) por sempre apoiar, torcer e acreditar em mim. Especialmente minha Tia Maria José - Nega, por me acolher durante todo esse tempo.

Ao GEREM (Grupo de estudo em recursos genéticos e melhoramento de plantas): Aglauberto, Ana Kelly, André, Cadu, Julia, Larrissa, Lenin, Maryssol, Matheus, Samuel e Valnice... pela ajuda na execução dos trabalhos e pelas alegrias compartilhadas.

Aos amigos da Fitotecnia, pela amizade verdadeira que construímos, especialmente à Jéssica, Ingrid, Tamiris, Leane e Liliana por terem compartilhado momentos especiais. E ao Sr. Viera pela ajuda com os amendoins.

Aos meus amigos que sempre permaneceram comigo, pois mesmo com a minha ausência se fizeram/fazem presentes e que torcem pelo meu sucesso.

Por fim, a todos que não foram aqui citados, mas passaram pela minha vida e que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

RESUMO

O amendoim é uma oleaginosa cultivada e apreciada tanto no Brasil como no mundo, desempenhando papel relevante na economia agrícola, sendo importante a busca de materiais genéticos que atendam às exigências de mercado. Nesse sentido, objetivou-se neste estudo elucidar o controle genético dos aspectos visuais em amendoim: cor e forma da semente; e de caracteres agrônômicos importantes à produção: número de vagens madura, número total de ginóforos, número de ginóforos do terço inferior, altura da haste principal, comprimento da vagem, largura da vagem, comprimento da semente e largura da semente. Para isso, foram utilizados quatro acessos divergentes de amendoim quanto a caracteres morfoagronômicos, provenientes da coleção de germoplasma do CCA/UFC: EAC 26, EAC 33, EAC 43 e EAC 69. As hibridações entre os genitores foram realizadas em vaso no esquema de dialelo completo. A partir das sementes $F_{1's}$ foram obtidas as sementes $F_{2's}$ de todas as combinações envolvendo os genitores. Em campo, no delineamento em blocos casualizados com 3 repetições, foram avaliados os seguintes tratamentos: genitores, populações $F_{2's}$ das combinações obtidas; populações $F_{2's}$ recíprocas, conforme método I proposto por Griffing (1956). Foram observadas proporções epistáticas e significativas para cor do tegumento e o formato de semente. As estimativas do diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação foram significativas para todos os caracteres; por outro lado, as estimativas do diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade específica de combinação apresentou significância para número de vagens maduras, número total de ginóforos e número de ginóforos do terço inferior, indicando que os genitores divergem entre si quanto aos efeitos gênicos aditivos e as combinações para efeitos gênicos aditivos e não-aditivos. O efeito recíproco foi significativo para número total de ginóforos, número de ginóforos do terço inferior e altura da haste principal. Os efeitos gênicos não aditivos predominaram no controle genético dos caracteres, exceto para número de vagens maduras e largura da vagem. O coeficiente de determinação genotípico variou de 41,52% para largura da vagem e 92,65% para comprimento da vagem. O número estimado de genes responsáveis pelo controle desses caracteres variou em média de 1,73 a 14,82. Portanto, há caracteres que apresentam herança relativamente simples e outros complexa, necessitando de estratégias distintas de melhoramento para maximizar a obtenção de genótipos superiores.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L. Dialelo. Efeito materno e herança extracromossômica. Efeito gênico aditivo e não aditivo.

ABSTRACT

Peanut is an oilseed cultivated and appreciated both in Brazil and in the world, playing an important role in the agricultural economy, and it is important to search for genetic materials that meet market requirements. In this sense, the objective of this study was to elucidate the genetic control of the visual aspects of peanuts: color and shape of the seed; and of agronomic traits important to production: number of ripe pods, total number of gynophores, number of gynophores in the lower third, height of the main stem, pod length, pod width, seed length and seed width. For this, four divergent accessions of peanuts were used for morpho-agronomic characters, from the germplasm collection of the CCA / UFC : EAC 26, EAC 33, EAC 43 and EAC 69. Hybridizations between the parents were performed in a pot in the diallel scheme complete. From the F_1 's seeds, the F_2 's seeds of all combinations involving the parents were obtained. In the field, in a randomized block design with 3 replications, the following treatments were evaluated: parents, F_2 's populations of the combinations obtained; reciprocal F_2 's populations, according to method I proposed by Griffing (1956). Epistatic and significant proportions were observed for tegument color and seed shape. The estimates of the genotypic differential associated with the effects of the general combining ability were significant for all traits; on the other hand, the estimates of the genotypic differential associated with the effects of the specific combining ability showed significance for the number of mature pods, total number of gynophores and number of gynophores in the lower third, indicating that the parents differ with respect to the additive and genetic effects. combinations for additive and non-additive gene effects. The reciprocal effect was significant for the total number of gynophores, the number of gynophores in the lower third and height of the main stem. Non-additive gene effects predominated in the genetic control of the characters, except for the number of mature pods and pod width. The genotypic determination coefficient varied from 41.52% for pod width and 92.65% for pod length. The estimated number of genes responsible for controlling these characters ranged on average from 1.73 to 14.82. Therefore, there are characters that have relatively simple inheritance and others that are complex, requiring different breeding strategies to maximize the achievement of superior genotypes.

Keywords: *Arachis hypogaea* L. Diallelo. Maternal effect and extrachromosomal inheritance. Additive and non-additive gene effect.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 - Plantas dos acessos avaliados na pesquisa - (A) EAC 33. (B) EAC 26. (C) EAC 43. (D) EAC 69. Fonte: PONTES, F.C.F..... 25
- Figura 2 - Sementes dos acessos avaliados na pesquisa - (A) EAC 26. (B) EAC 33. (C) EAC 43. (D) EAC 69. Fonte: GEREM – Grupo de estudos em recursos genéticos e melhoramento de plantas..... 26

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Informações sobre grupo botânico, origem e descritores morfoagronômicos dos acessos de amendoim usados no presente estudo. Fortaleza/CE, 2019.....	26
Tabela 2	- Esquema do resumo da análise de variância de dialelo envolvendo quatro genitores, populações F ₂ 's e F ₂ 's recíprocas, de acordo com o método I de Griffing (1956). Fortaleza/CE, 2019.....	30
Tabela 3	- Cruzamentos, proporções observadas e teste do qui-quadrado para verificação de hipóteses conforme segregação da F ₂ para cor da semente de amendoim. Fortaleza/CE, 2019.....	40
Tabela 4	- Cruzamentos, proporções observadas e teste do qui-quadrado para verificação de hipóteses conforme segregação da F ₂ para forma da semente de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE, 2019.....	41
Tabela 5	- Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [V(μ)] do número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI) e altura da haste principal (AHP), avaliados nas populações P ₁ , P ₂ , P ₃ , F ₁ 's, F ₂ 's resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE, 2019... ..	42
Tabela 6	- Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [V(μ)] do comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), avaliados nas populações P ₁ , P ₂ , P ₃ , F ₁ 's, F ₂ 's resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE 2019.....	44
Tabela 7	- Resumo das análises de variância para número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI) e altura da haste principal (AHP), conforme método I proposto por Griffing (1956) para um dialelo envolvendo quatro genitores, híbridos F ₂ 's e recíprocos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE 2019.....	46

<p>Tabela 8 - Resumo das análises de variância para comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), conforme método I proposto por Griffing (1956) para um dialelo envolvendo quatro genitores, híbridos F₂'s e recíprocos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE 2019.....</p>	47
<p>Tabela 9 - Estimativas do diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação, diferencial genotípico associado aos efeitos da específica de combinação e coeficiente de determinação genotípica para número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número ginóforos do terço inferior (NGTI), altura da haste principal (AHP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS) e largura da semente (LS) dos cruzamentos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE, 2019.....</p>	48
<p>Tabela 10 - Estimativa do número de genes para número de vagem maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI), altura da haste principal (AHP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) dos cruzamentos de amendoim (<i>Arachis hypogaea</i>). Fortaleza/CE 2019.....</p>	49

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CCA	CCA Centro de Ciências Agrárias
EAC	Escola de Agronomia do Ceará
EPACE	Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceara
GEREM	Grupo de estudos em recursos genéticos e melhoramento de plantas
UFC	Universidade Federal do Ceará
CCA	CCA Centro de Ciências Agrárias
UNILAB	Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro Brasileira
CE	Estado do Ceará
F ₁ 's	Primeira geração filial
F ₂ 's	Segunda geração filial

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1	Aspectos botânicos e fenológicos	15
2.2	Importância econômica	17
2.3	Melhoramento genético	19
2.4	Controle genético	21
2.5	Análise dialélica	22
3	MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1	Localização da área experimental	25
3.2	Genitores	25
3.3	Obtenção das populações F₁'s e F₂'s	27
3.4	Avaliação das populações F₂'s, F₂'s recíprocas e genitores	28
3.5	Caracteres avaliados	28
3.6	Análises genético-estatísticas	29
3.7	Parâmetros genéticos	31
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1	Caracteres relacionados aos aspectos visuais da semente	33
4.2	Caracteres relacionados a produção de grãos	36
5	CONCLUSÕES	50
	REFERÊNCIAS	51

1 INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.), é uma espécie que tem como centro de origem a América do Sul; é oleaginosa e amplamente cultivada pelo homem (HAMMONS, 1973; OLIVEIRA *et al.* 2006), sendo muito apreciada no Brasil e no mundo. A importância econômica está relacionada ao grão, rico em óleo, o qual pode ser destinado para diversas finalidades, bem como pelo fato de ser uma importante fonte de lipídios, proteína, carboidratos, sais minerais e vitaminas. Em razão disto, é utilizado principalmente na alimentação humana, nas formas *in natura* ou processada (QUEIROGA *et al.*, 2018).

A diversidade na forma de consumo faz com que a cultura do amendoim tenha uma grande expressividade econômica. Nesse sentido, é de suma importância a disponibilidade de cultivares produtivas, rentáveis e adaptadas às diversas regiões, assim como a padronização na comercialização que possam atender às necessidades de cada região em particular (SANTOS, 1999).

Na obtenção de cultivares, alguns caracteres visuais relacionados aos grãos, a exemplo da cor e formato, devem ser considerados na formação do novo genótipo, uma vez que grande parte da produção dessa oleaginosa é destinada ao consumo *in natura*. Como também, número de vagens maduras e número total de ginóforos, maximizando o potencial produtivo. O número de ginóforos do terço inferior também é outro caráter importante, pois as plantas que concentram os ginóforos nos primeiros 15 cm de altura tendem a formar frutos com maior viabilidade comercial (SANTOS *et al.*, 2013). Com relação à altura da haste principal, normalmente plantas de porte ereto são frequentemente mais precoces (LUZ *et al.*, 2010) e, por isso, são mais bem aceitas pelos produtores.

Para reunir fenótipos desejáveis como esses em novos cultivares, os programas de melhoramento de amendoim utilizam do processo de hibridação artificial, o que permite reunir em um só genótipo características interessantes de dois ou mais genitores (BORÉM *et al.*, 2017). Nesse sentido, um dos esquemas amplamente utilizados para realização de hibridações com esse propósito é o dialelo. Assim, uma série de genitores, geralmente homocigotos, são cruzados dois-a-dois para a obtenção de combinações híbridas experimentais. Existem várias metodologias para análise dos dados obtidos por esquemas dialélicos. A metodologia proposta por Griffing (1956) informa acerca da ação gênica relacionada com a expressão dos caracteres mediante avaliação da capacidade geral (CGC) - comportamento médio de um genitor em combinações híbridas e; capacidade específica de combinação (CEC) - comportamento que

favorece certas combinações híbridas a serem superiores ou inferiores em relação ao esperado pelo desempenho médio.

Ademais, a estimação da CGC e CEC, os cruzamentos recíprocos fornecem informações sobre o melhor genótipo a ser utilizado como genitor masculino ou feminino em uma combinação híbrida, de acordo com o desempenho como doador ou como receptor de pólen. Os cruzamentos recíprocos são muito úteis na detecção de herança citoplasmática ou extracromossômica e efeito materno. Herança extracromossômica é quando o caráter tem expressão proveniente de genes citoplasmáticos das mitocôndrias ou dos cloroplastos e, efeito materno é quando a herança é controlada por genes nucleares da mãe, porém que são responsáveis por certas condições do citoplasma do óvulo - provavelmente produtos gênicos. Sendo assim, caso o caráter seja decorrente de efeito citoplasmático ou materno, os resultados dos cruzamentos recíprocos serão diferentes, isto é, os descendentes de cada cruzamento terão sempre o mesmo fenótipo do genitor feminino (RAMALHO *et al.*, 2012).

Por sua vez, por meio das estimativas dos componentes de variâncias, como genética aditiva e de dominância, torna-se possível determinar alguns parâmetros genéticos que são de suma importância para qualquer programa de melhoramento genético. Um desses é a herdabilidade ou coeficiente de determinação genotípico, esse último quando o efeito de genótipo do modelo genético-estatístico é considerado como fixo. Definido como o quanto da proporção fenotípica é explicado por causas genotípicas, ou seja, a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, pois somente o valor genético determina sua influência na próxima geração (FALCONER, 1987). Esse parâmetro é um dos mais importantes porque prevê a facilidade ou dificuldade para se melhorar um dado caráter frente ao processo seletivo. Um outro parâmetro útil em estudos de controle genético é o número de genes, que tende a confirmar a complexidade do caráter quando o coeficiente de determinação genotípico tende a zero.

Entretanto, existem poucas informações a respeito do controle genético de caracteres associados aos aspectos visuais e da produção do amendoim, principalmente com germoplasma explorado no Brasil. Dessa forma, é importante complementar informações existentes e obter novos conhecimentos a esse respeito, uma vez que é uma cultura que possui grande interesse econômico nacional e mundial. Assim, objetivou-se com esse estudo elucidar o controle genético de caracteres agrônômicos importantes à produção e aspecto visual em amendoim.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos botânicos e fenológicos

O gênero *Arachis* pertencente à família Fabaceae (JUDD *et al.*, 2009) é nativo da América do Sul e ocorre naturalmente na Argentina, Bolívia, Brasil, Paraguai e Uruguai (HAMMONS, 1973). Composto por aproximadamente 80 espécies descritas, ocorrentes no Brasil (abriga 64 das 80 espécies, sendo 47 exclusivas do país), Bolívia (18), Paraguai (16), Argentina (6) e Uruguai (2) (SILVA, 2008; VALLS, 2005; 2013), sendo Brasil Central e Paraguai o centro de origem do gênero (GREGORY *et al.*, 1980; KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994).

O amendoim (*A. hypogaea*), é uma dicotiledônea da subfamília Faboideae e foi a primeira espécie descrita do gênero por Linnaeus (1753). Apresenta grande destaque de valor comercial, uma vez que consiste no amendoim cultivado (VEIGA *et al.*, 2001). É uma planta anual, herbácea, com hábito de crescimento ereto ou rasteiro e haste principal atingindo entre 12 a 60 cm de altura, variando de acordo com tipo botânico. A ramificação pode ser alternada ou sequencial, iniciando cerca de 30 dias após a emergência. Por apresentar crescimento indeterminado, as estruturas reprodutivas e vegetativas se formam simultaneamente durante ciclo fenológico (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

O sistema radicular é constituído de raízes pivotantes e laterais. As pivotantes podem atingir profundidades superiores a 1,30 m e as laterais subdividem-se formando um conjunto bastante ramificado, a partir da pivotante, entretanto, essas reduzem-se na fase de desenvolvimento dos grãos (CÂMARA, 2016). Por ser leguminosa apresenta nódulos no sistema radicular, devido à presença de bactérias fixadoras do nitrogênio atmosférico.

Com relação à parte aérea, a planta do amendoim apresenta folhas compostas, pinada e estômatos presentes nas duas superfícies foliares, adaxial e abaxial (NOGUEIRA *et al.*, 2013). Estas ainda, apresentam movimentos nictinásticos ascendentes, ou seja, durante o dia ficam destendidos para maior captação de energia solar e a noite se voltam para cima (QUEIROGA *et al.*, 2018).

A morfologia da flor do amendoim foi descrita por Smith (1950) e Conagin (1955), classificada como séssil, zigomórfica e papilionácea. O cálice é tubular, possui cinco sépalas soldadas na base do *hipantum* (tubo do cálice) com extremidade livre. A corola apresenta cinco pétalas: quilha ou carena, são duas peças soldadas, abrangendo estames e estigmas; estandarte, o qual possui uma gama de cores que variam do branco ao laranja-escuro; duas asas, envolvendo a quilha, geralmente amarela podendo haver variação na tonalidade conforme a variedade.

As flores são hermafroditas e agrupadas em inflorescência do tipo espiga, composta de duas a cinco flores que se forma na axila das folhas (GODOY *et al.*, 2005). O florescimento na inflorescência não é simultâneo, abrindo uma flor por vez, iniciando de quatro a seis semanas após o plantio durando aproximadamente dois meses. Após a primeira flor aparecer o número de flores atinge o máximo e decresce gradativamente (CONAGIN, 1955).

O ovário é sésil, súpero com dois a seis óvulos e o estigma é situado ao nível ou ligeiramente acima das anteras (SMITH, 1950; NOGUEIRA *et al.*, 2013). Os estames consistem em dez, oito funcionais e dois estéreis, as anteras são de dois tipos, quatro longas e quatro globosas, sendo três biloculadas e um uniloculada, todas funcionais (NOGUEIRA *et al.*, 2013; CONAGIN, 1955).

O amendoim é caracterizado como espécie autógama, em decorrência da posição que se encontram as estruturas masculina e feminina, o envolvimento dessas pela “quilha” e ainda em ocorrência de cleistogamia, promovendo desse modo a autopolinização (GODOY *et al.*, 2005; NOGUEIRA *et al.*, 2013). Após a flor ser fecundada, o ginóforo, comumente chamado “peg”, que possui geotropismo positivo, cresce e encurvasse para o solo, atingindo-o e penetrando-o, dando origem aos frutos e sementes (CONAGIN; CONAGIN, 1960).

O fruto é uma vagem subterrânea, indeiscente, uniloculada e estrangulada com superfícies mais ou menos reticuladas, possuindo número variável de semente de acordo com as cultivares. As cascas são pobres em nutrientes e tem uso mais frequentes ligados a ração animal, fertilizantes e substrato preferido para utilização em “camas” de aviários de corte, o que lhe confere bom valor comercial (QUEIROGA *et al.*, 2018).

As sementes variam em número, tamanho e forma entre as cultivares. Constam de um tegumento seminal delgado de cor variável como branco, marrom, rosado, vermelho, roxo ou negro (IBPG; IPGRI, 1992). As sementes de película vermelha, rosada ou castanha são as mais comuns e constituem a parte de maior interesse econômico, devido ao elevado teor de óleo comestível (GODOY *et al.*, 2005).

Os aspectos morfológicos da planta são importantes, pois permitem acesso a variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma. É ainda ferramenta auxiliar em programas de melhoramento, além de permitir classificar os grupos botânicos do amendoim em duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata*, pertencentes, respectivamente, ao grupo Virgínia e aos grupos Valência e Spanish (GODOY *et al.*, 2005; VALLS, 2013):

- Virgínia: as plantas apresentam ciclo mais longo, em torno de 120 a 160 dias, hábito de crescimento rasteiro ou semi-rasteiro, não possui flores no eixo central, possui ramificações vegetativas ou reprodutivas alternadas nos ramos primário, frutos grandes

e sementes grandes de coloração bege (CONAGIN 1955; GODOY *et al.*, 1999; SANTOS *et al.*, 1997; BULGARELLI, 2008). As cultivares tipo Virginia são de ampla ocorrência no Brasil e na Bolívia (VALLS, 2005). “IAC-Caiapó”, resultante do cruzamento entre linhagens do tipo Virgínia, é exemplo de cultivar de ampla adaptabilidade deste grupo (GODOY *et al.*, 1996).

- Valência: as espécies possuem ciclo mais curto, 85 a 110 dias, hábito de crescimento, sementes de tamanho médio e coloração vermelha; a floração geralmente inicia entre 30 a 32 dias após o plantio (CONAGIN 1955; SANTOS *et al.*, 1997; GODOY *et al.*, 1999). Um grande centro de diversidade compreende o Paraguai, Brasil Central e Nordeste, estendendo-se ao Peru (VALLS, 2005). Este grupo representa a maioria dos amendoins voltados para o mercado interno. “TATU” é um exemplo de cultivar desse grupo, sendo o mais disseminado no Brasil (SANTOS *et al.*, 1997; GODOY *et al.*, 1999).
- Spanish: as plantas são caracterizadas pelo ciclo curto, 85 a 110 dias, hábito de crescimento ereto, flores nos primeiros nós concentrando assim os frutos na base da planta, frutos pequenos e com duas sementes (CONAGIN 1955; BULGARELLI, 2008). Grande variabilidade genética pode ser observada na Bacia do rio Uruguai (Mesopotâmia argentina, Uruguai e Rio Grande do Sul) (VALLS, 2005), sendo o grupo menos expressivo no Brasil, uma vez que possui menor valor comercial. O cultivar Tatuí é um exemplo de material comercial desse grupo (HEID *et al.*, 2016; BULGARELLI, 2008).

2.2 Importância econômica

O amendoim possui grande importância econômica mundial, uma vez que está inserido no grupo das principais leguminosas oleaginosas do mundo, por produzir um dos grãos mais consumidos. Provavelmente por serem ricos em óleo (aproximadamente 35% para consumo *in natura* e 50% para extração), proteína (20-25%), sais minerais, vitaminas e carboidratos, além de apresentarem sabor agradável, sendo consumidos “*in natura*” ou como alimento processado (QUEIROGA *et al.*, 2018).

Os grãos são submetidos ao processamento industrial para obtenção de óleo, usado diretamente na alimentação humana, na fabricação de produtos alimentícios, conservas e indústria farmacêutica (GODOY *et al.*, 2005). O processo de extração do óleo comestível gera um subproduto industrial, que é a torta ou farelo, destinado principalmente para alimentação animal (ARAÚJO; SOBREIRA, 2008). Atualmente, para o mercado nacional atual tem se

observado um aumento frequente do consumo de pasta de amendoim, atingindo um público que visa um estilo de vida mais saudável, funcionando quase como um suplemento alimentar.

Mais recentemente, com as novas tendências no segmento de fontes renováveis, o amendoim também vem sendo utilizado como matéria-prima promissora para a produção de biodiesel, devido ao alto teor de óleo nas sementes (SANTOS *et al.*, 2012a). Tal característica é muito importante, pois faz da cultura uma alternativa para diminuir a emissão de poluentes no meio ambiente.

Devido a sua ampla adaptabilidade a diversos ambientes, o amendoim é cultivado em muitos países nos dois hemisférios, abrangendo regiões de clima tropical, subtropical e semiárido (GODOY *et al.*, 2005), configurando como a quarta oleaginosa mais cultivada no mundo, superada apenas pela soja, algodão e girassol (FAO, 2018). Em 2016, a produção mundial do grão foi superior a 43 milhões de toneladas em uma área de 27 milhões de hectares, tendo como principais produtores a China, Índia, Argentina, Camarões e Brasil. Como maiores exportadores estão a Índia, Estados Unidos, China, Argentina e Brasil (FAO, 2018).

O Brasil produziu na safra 2016/2017 466,2 mil toneladas em uma área de 129,3 mil hectares com rendimento médio de 3.606 kg/ha e para 2017/2018 a estimativa é de 499,4 mil toneladas (CONAB, 2018). Nos últimos anos as áreas de cultivo dessa oleaginosa no Brasil foram de 154 mil hectares de área colhida em 2016 (FAO, 2018), aliado a crescente produtividade, resultado alcançado em grande parte pelo uso das tecnologias, por meio de cultivares e sistemas de cultivos melhorados (SANTOS, 1999).

A produção nacional é concentrada na região Sudeste do Brasil, principalmente no estado de São Paulo, responsável por aproximadamente 90% da produção com 422,3 mil toneladas em 2016/2017 (CONAB, 2018). Grande parte dessa produção (80%) é destinada à exportação, e o restante tem como destino a fabricação de diversos produtos alimentícios, tanto na linha de doces como na de salgados. Isso porque São Paulo concentra os demais elos da cadeia agroindustrial do amendoim, como o beneficiamento, a indústria confeitaria e a indústria de óleo vegetal (MACÊDO, 2007; CÂMARA, 2016). Adicionalmente, por ser uma cultura de ciclo curto, assume especial importância na renovação dos canaviais, quando é cultivada.

A região Nordeste, por sua vez, deteve 40 mil toneladas da produção nacional em 2016, em áreas distribuídas no Recôncavo Baiano, nos Tabuleiros Costeiros em Sergipe, nas Zonas da Mata, Agreste e Sertão pernambucano, no Agreste e Brejo da Paraíba e no Cariri Cearense (CONAB, 2018; BOLONHEZI *et al.*, 2013). Cerca de 80% da produção obtida nessa região é destinada ao consumo *in natura* na forma de amendoim torrado ou cozido e comercializado em

feiras livres, festas juninas e praias, apresentando importância no contexto social e econômico (FÁVERO, 2004).

A maioria dos cultivos de amendoim no nordeste do Brasil são conduzidos por pequenos produtores que vivem da agricultura familiar, caracterizado pela adoção de variedades tradicionais, tratos culturais, colheita e beneficiamento procedidos manualmente com a utilização de mão-de-obra familiar (SANTOS, 1999). Entretanto, apesar da cultura possuir importância socioeconômica para essa região, especialmente para a agricultura familiar, a redução das áreas destinadas ao cultivo na região deve ser reflexo da falta de genótipos tolerantes ao déficit de água. A área cultivada no Ceará na safra 2016/2017 foi de 3.000 m², com uma produção de 400.000 kg (CONAB, 2018), sendo os municípios Crato, Barbalha, Farias Brito e Missão Velha os principais produtores (QUEIROGA *et al.*, 2018).

2.3 Melhoramento genético

O amendoim é alotetraploide ($2n=4x=40$), reproduzindo-se quase exclusivamente por autogamia (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994; SANTOS *et al.*, 2000). Diferenças no tamanho, formas e arranjos dos cromossomos, supõe que a origem possa estar associada a um cruzamento ocasional entre *Arachis duranensis* e a *Arachis ipaensis*, espécies diploides com genomas A e B, respectivamente, resultando em híbrido estéril, cujos cromossomos foram duplicados por mutação natural (AABB), restaurando a fertilidade do híbrido (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; FÁVERO, 2006; BERTIOLI *et al.*, 2016). Estudos sobre a estrutura genética do amendoim são importantes para o melhoramento da cultura a fim de obter cultivares com características desejáveis. Contudo, o homem ajudou a moldar a espécie, resultando no amendoim cultivado, selecionando os genótipos mais adaptados aos distintos ambientes, como também conforme as preferências de sabor, cor e outros fenótipos de interesse para determinada época (FREITAS *et al.*, 2003).

Por ser autógama, o amendoim apresenta elevadas taxas de homozigose entre linhagens intraespecíficas. A hibridação artificial é uma das maneiras mais utilizadas para ampliar a variabilidade genética nos programas de melhoramento, uma vez que origina novas combinações (SANTOS *et al.*, 2013). Para Ramalho *et al.* (2012), o uso de genitores pouco divergentes em hibridações limita demasiadamente a ampliação da variabilidade genética, reduzindo a possibilidade de êxito com a seleção e paralelamente contribuindo para o estreitamento da base genética. Portanto, estudos de diversidade genética são imprescindíveis

na orientação de cruzamentos de um programa de melhoramento, inclusive entre subespécies da cultura (HAMMONS, 1971).

Os primeiros trabalhos em genética, melhoramento e taxonomia do amendoim foram iniciados nos Estados Unidos nas décadas de 30 e 40. Entretanto, a partir da década de 70 com o aumento da expressão econômica da cultura as pesquisas foram impulsionadas, principalmente nos Estados Unidos e Índia, com as coletas de germoplasma, conhecimentos sobre variabilidade e herança dos caracteres de importância econômica (GODOY *et al.*, 2005).

No Brasil, as primeiras pesquisas começaram na década de 30 com a introdução e avaliação do germoplasma americano pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), intensificando os trabalhos por volta da década de 70, devido a uma maior tecnificação da cultura em São Paulo. Na década seguinte, o CENARGEN (EMBRAPA) ampliou a coleta de *Arachis*, elevando a variabilidade nas coleções. Além disso, outras instituições também iniciaram trabalhos de melhoramento, como a UNESP – Botucatu em São Paulo e a Embrapa Algodão em Campina Grande, Paraíba (GODOY *et al.*, 2005).

Atualmente, a Embrapa e o IAC são as principais instituições que trabalham com melhoramento da cultura. A Embrapa Algodão tem como principais objetivos desenvolver cultivares precoces, produtivas e tolerantes às condições do semiárido nordestino, enquanto o IAC desenvolve cultivares com maior potencial produtivo, características agrônomicas que atendam às necessidades de cultivos tecnificados e às exigências do mercado, incluindo indústria e consumidores (SANTOS *et al.*, 2013).

Os objetivos dos programas de melhoramento quase sempre estão relacionados a obtenção de cultivares produtivos e estáveis (GODOY *et al.*, 1990), resistentes as principais pragas e doenças (FÁVERO, 2004; JANINI *et al.*, 2010) e com ampla adaptação ambiental, especialmente tolerantes ao déficit hídrico (ARRUDA *et al.*, 2015); além de melhorar a qualidade do óleo e da proteína para atender o mercado *in natura* e a indústria de produtos alimentícios (SANTOS, 1999; SANTOS *et al.*, 2012b).

O cultivar Tatu, do tipo botânico Valência, é o mais difundido no Brasil. Contudo, foi desenvolvido há mais de três décadas e demonstra a necessidade na geração de novos cultivares que atendam às exigências de mercado. Desse modo, o conhecimento do controle genético de caracteres relacionados a produção auxilia o melhorista na obtenção de novas cultivares.

2.4 Controle genético

Para determinar o controle genético de um caráter, faz-se necessário a realização de cruzamentos controlados, em que os genitores homozigotos devem apresentar expressões contrastantes para o caráter ou caracteres avaliados (RAMALHO *et al.*, 2012; BALDISSERA *et al.*, 2014). Isso porque cruzamentos entre genitores convergentes produzem baixa variabilidade e devem resultar em subestimativas do número de genes e ação gênica.

Em autógamias, informações do controle genético dos caracteres geralmente são obtidas por inferências em populações segregantes e, a partir dessas, ocorre estimação dos parâmetros genéticos, como herdabilidade e número de genes (BALDISSERA *et al.*, 2014). Essas estimativas são úteis para avaliar o potencial da população para fins de melhoramento e estabelecer estratégias eficientes de seleção (CRUZ, 2005). Contudo, é importante identificar na fração genética, quais as proporções que podem ser atribuídas a fatores gênicos aditivos, não aditivos e epistáticos.

Um dos trabalhos pioneiros do estudo de herança de caracteres quantitativos em amendoim foi realizado por Gibori *et al.* (1978) em cruzamentos dialélicos nos grupos botânicos Valência, Virginia e Spanish para analisar os efeitos gênicos relacionados a produção e tamanho de vagens, início da floração e massa da parte aérea de planta em populações F_2 's. As estimativas dos componentes genéticos da variância indicaram que os efeitos genéticos aditivos foram significativos para todas os caracteres e também responsáveis pela maior fração da variação, exceto para a massa da parte aérea de planta. Estimativas de herdabilidade moderadas também foram observadas por esses autores para produção de vagens por planta.

Informações atuais a esse respeito para o amendoim são relatadas em trabalhos liderados por pesquisadores indianos. Balaraju; Kenchanagoudar (2016) e Patil *et al.* (2014) avaliaram altura de planta, número de dias para floração, número de vagens/planta e constataram estimativas de moderada a alta herdabilidade e predominância de efeitos gênicos aditivos. São informações desta natureza que auxiliam em estratégias e/ou decisões a serem tomadas em um programa de melhoramento. Porém, apesar disto, estudos sobre o controle genético de caracteres determinantes para a produção do amendoim, em particular do germoplasma usado no Brasil, são bastante escassas.

Os caracteres podem ter herança simples ou complexa, apresentando classes fenotípicas facilmente distintas ou completamente dificultadas pelas condições ambientais (CRUZ, 2005). A maior parte dos caracteres agrônômicos do amendoim são de natureza quantitativa (SANTOS, 1999), ou seja, determinadas por vários genes e altamente influenciadas pela

manifestação do ambiente na expressão do fenótipo, como é o caso da produção de grãos. Assim, para que os trabalhos de melhoramento possam ser conduzidos de modo mais eficiente, há necessidade de se conhecer a base genética dos caracteres envolvidos na produção no germoplasma mais usado no Brasil.

Caracteres como altura da haste principal, número de dias para floração, número de vagens/planta são correlacionados com a produção de grãos em amendoim (JOHN *et al.*, 2015; GUPTA *et al.*, 2015; WADIKAR *et al.*, 2018). Nesse sentido, elucidar o controle genético desses caracteres bem como das interações envolvidas na expressão fenotípica dos mesmos possibilitará estabelecer estratégias de seleção precoce e indireta que são de suma importância a um programa de melhoramento.

2.5 Análise dialélica

A análise dialélica é um esquema de cruzamento muito utilizado para estudo de herança genética, que consiste no conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos resultante do acasalamento entre p genitores (linhagens, variedades, clones, etc.), podendo incluir além dos genitores, os híbridos recíprocos, e/ou gerações relacionadas como F_2 's (CRUZ *et al.*, 2012). Ou seja, é um intercruzamento de genótipos, dois a dois, produzindo p^2 combinações possíveis (CRUZ, 2005). Quando se tem sementes em quantidades suficientes faz-se a avaliação imediata dos híbridos. No entanto, quando se trabalha com autógamias e leguminosas, que produzem poucas sementes por cruzamento, torna-se necessário multiplicá-las e, nesses casos, é comum a avaliação de plantas F_2 's, utilizando a mesma metodologia para avaliar F_1 's (SILVA, 2013; DARONCH *et al.*, 2014).

Os cruzamentos dialélicos são divididos em vários tipos: completos ou balanceados, parciais, circulantes e os incompletos ou desbalanceados. Dialelos balanceados: incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares de combinações dos genitores; Dialelos parciais: envolvem dois grupos de genitores e os respectivos cruzamentos; Dialelos circulantes: os genitores são representados por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior a $p-1$, sendo p o número de genitores; Dialelos incompletos: os genitores são representados por um número variável de cruzamento, em consequências de perdas de tratamento; Dialelos desbalanceados: todas as combinações híbridas e também as demais gerações estão representadas, porém em frequência variável, em virtude do número desigual de repetições por tratamento (CRUZ *et al.*, 2012).

As metodologias de análise dialélica mais empregadas são as de Griffing (1956), em que são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de

combinação; e a proposta por Hayman (1954), que fornece informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores utilizados e do limite de seleção (CRUZ *et al.*, 2012).

A metodologia proposta por Griffing (1956) talvez seja a mais usual porque a análise é fácil de executar e de interpretar (VIANA; MATTA, 2003). Além de informar acerca da ação gênica relacionada com a expressão dos caracteres mediante avaliação da capacidade geral e específica de combinação a partir de quatro métodos: método 1 - genitores, híbridos e recíprocos (todas as p^2 combinações); método 2 - genitores e híbridos [$p(p+1)/2$]; método 3 - híbridos e recíprocos [$p(p-1)$ combinações]; método 4 - híbridos, sem os genitores e recíprocos [$p(p-1)/2$] (CRUZ, 2005). Estes métodos podem ser analisados considerando um modelo como fixo ou aleatório, dependendo da natureza da amostra dos genitores (CRUZ *et al.*, 2012).

Sprague e Tatum (1942) introduziram o conceito de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) quando os genótipos são cruzados em possíveis combinações. De acordo com estes autores, CGC é o comportamento médio de um genitor em combinações híbridas, e a CEC é o comportamento que favorece certas combinações híbridas a serem superiores ou inferiores em relação ao esperado pelo desempenho médio. A CGC fornece informações sobre a concentração de alelos predominantemente aditivos, enquanto que a CEC é determinada por efeitos não-aditivos ou predominantemente em dominância ou epistasia.

Além de estimar a CGC e CEC os cruzamentos recíprocos dos híbridos fornecem informações sobre o melhor genótipo a ser utilizado como genitor masculino ou feminino em uma combinação híbrida, de acordo com o desempenho como doador ou como receptor de pólen. Os cruzamentos recíprocos são muito úteis na detecção de herança citoplasmática ou extracromossômica e efeito materno. Herança extracromossômica é quando o caráter tem a expressão proveniente de genes citoplasmáticos das mitocôndrias ou dos cloroplastos e, efeito materno é quando a herança é controlada por genes nucleares da mãe, porém que são responsáveis por certas condições do citoplasma do óvulo - provavelmente produtos gênicos. Sendo assim, caso o caráter seja decorrente de efeito citoplasmático ou materno, os resultados dos cruzamentos recíprocos serão diferentes, isto é, os descendentes de cada cruzamento terão sempre o mesmo fenótipo do genitor feminino (RAMALHO *et al.*, 2012).

O método I desenvolvido por Griffing (1956) permite estimar a CGC, CEC e o efeito recíproco, este último é considerado importante, pois corresponde à avaliação das p^2 combinações (genitores, híbridos e recíprocos) obtidas nos cruzamentos, sendo possível detectar variações genéticas a partir do comportamento do híbrido F_1 e do recíproco.

Alguns trabalhos avaliaram a capacidade de combinação geral e específica para o amendoim pela metodologia de Griffing. Wynne *et al.* (1975) usaram populações F_{2s} de cruzamentos entre subespécies e verificaram que as estimativas de CGC e CEC foram significativas para porcentagem de grãos maduros, produção (kg/ha) e comprimento da vagem. Estimativas de CGC e CEC também foram significativas para caracteres de floração, número de vagens/planta, comprimento de 20 vagens por planta, em F_{1s} provenientes de cruzamentos dialélicos sem recíprocos (AZAD *et al.*, 2014).

Esses estudos são úteis para o desenvolvimento de populações melhoradas. No entanto, foram pesquisados diversos trabalhos na literatura e constatou-se escassez de informações acerca do controle genético de caracteres relevantes em amendoim com germoplasma explorado no Brasil. Portanto, acredita-se que as informações geradas aqui serão de suma importância, principalmente para os programas de melhoramento da cultura que atuam neste país.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização da área experimental

As hibridações artificiais entre os genitores para obtenção de sementes $F_{2's}$ foram conduzidos na horta didática prof. Luís Antônio da Silva, localizada na sede da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB). A avaliação das populações $F_{2's}$, recíprocas e genitores, foram conduzidas na Fazenda Experimental Piroás, situada no distrito de Barra Nova, na localidade de Piroás, Redenção-CE.

Ambos as localidades fazem parte do município de Redenção, CE, que fica a 61 km da capital Fortaleza, com as seguintes coordenadas geográficas: latitude $04^{\circ} 13' 33''$ S, longitude $38^{\circ} 43' 50''$ W e a 88 m de altitude. A região apresenta clima do tipo Amw', segundo a classificação de Köppen (1918), com clima tropical chuvoso e chuvas orográficas de índices pluviométricos em torno de 1.062 mm entre os meses de janeiro a abril, com temperatura média de $27^{\circ}C$ (IPECE, 2016). Os solos são classificados como Planossolo Solódico e Podzólico Vermelho-Amarelo (IPECE, 2016).

3.2 Genitores

Foram usados como genitores quatro acessos de amendoim provenientes da coleção de germoplasma do CCA/UFC (Figuras 1 e 2).



Figura 1. Plantas dos acessos avaliados na pesquisa - (A) EAC 33. (B) EAC 26. (C) EAC 43. (D) EAC 69. Fonte: PONTES, F.C.F.



Figura 2. Sementes dos acessos avaliados na pesquisa - (A) EAC 26. (B) EAC 33. (C) EAC 43. (D) EAC 69. Fonte: GEREM – Grupo de estudos em recursos genéticos e melhoramento de plantas.

Esses acessos apresentam divergência fenotípica para a maioria dos caracteres considerados no presente estudo (Tabela 1).

Dois destes acessos, EAC 43 e EAC 26, foram utilizados em estudo de caracterização e diversidade genética da coleção de germoplasma de amendoim do CCA/UFC (MACHADO *et al.*, 2017). Além do mais, o EAC 26 é um mutante desenvolvido visando alta produtividade (PRASAD *et al.*, 1985). As demais informações sobre os outros dois acessos foram obtidas em estudos envolvendo estimação de parâmetros genéticos e divergência genética (OLIVEIRA *et al.*, 2017; SILVEIRA, *et al.*, 2017; JULIÃO *et al.*, 2017; CASTRO *et al.*, 2017).

Tabela 1. Informações sobre grupo botânico, origem e descritores morfoagronômicos dos quatro acessos de amendoim usados no presente estudo. Fortaleza/CE, 2019.

Características	Acessos			
	EAC 026	EAC 033	EAC 043	EAC 069
Grupo Botânico	Virgínia (Runner)	Spanish	Spanish	Virgínia
Origem	Índia	EPACE	EUA	CCA/UFC
Hábito de crescimento	Rasteiro	Ereto	Ereto	Moita
Altura da haste principal (cm)	9,33	44,66	47,66	31,33
Floração (dias)	26 dias	28 dias	32 dias	28 dias

Nº total de ginóforos	13,22	29,59	46,22	78,00
Nº de sementes/vagem	3 a 4	1 a 2	1 a 2	2 a 3
Cor da semente	Vermelho	Vermelho	Bege	Marrom
Forma da semente	Alongada	Alongada	Arredondada	Alongada
Ciclo (dias)	90 dias	90 dias	110 dias	110 dias

3.3 Obtenção das populações F₁'s e F₂'s

Os híbridos F₁'s foram obtidos por esquema dialélico, isto é, cruzando todos os genitores em todas as combinações possíveis (híbridos e recíprocos). Posteriormente, as sementes F₁'s foram semeadas para obtenção por autofecundação das populações F₂'s.

A semeadura dos genitores foi realizada em vasos de polietileno, devidamente identificados, com capacidade de 14 litros, contendo arisco e esterco bovino curtido na proporção de 2:1, respectivamente. Foram semeadas quatro sementes por vaso, totalizando 12 plantas de cada genitor, em duas etapas com intervalo de 15 dias, a fim de reduzir o assincronismo do florescimento. A irrigação foi realizada diariamente de forma manual com regador, preferencialmente no final da tarde, para evitar as perdas por evaporação. Todas as práticas culturais foram conduzidas de acordo com as necessidades da cultura (QUEIROGA *et al.*, 2018).

O amendoim por ser uma planta autógama, necessita da emasculação e polinização artificial para a realização de cruzamentos controlados. Para se proceder com as hibridações, foram seguidas as recomendações propostas por Nigam *et al.* (1990) e Santos *et al.* (1994). A partir do surgimento dos primeiros botões florais foram iniciadas as hibridações artificiais, emasculando as flores antes da antese, no final da tarde. A emasculação e hibridação foram realizadas no mesmo dia, reduzindo a manipulação nas flores e evitando danos (SANTOS *et al.*, 1994). A emasculação dos botões florais consistiu quando as pétalas estavam semivisíveis sob as sépalas, removeu-as pela abertura ventral do botão floral utilizando uma pinça de ponta fina, separando a asa e o estandarte a fim de que a quilha ficasse visível, puxou-a para frente expondo as anteras removendo-as. Em seguida, o botão floral foi recomposto.

Posteriormente a emasculação, as flores foram polinizadas por meio da condução do pólen de uma flor doadora (genitor masculino selecionado) para o estigma da flor receptora (genitor feminino selecionado) com o auxílio de uma pinça ou esfregando os estames da flor

doadora de pólen sobre o estigma da flor receptora. Em seguida, essas flores foram identificadas com respectivas etiquetas, contendo nome dos genitores, número do vaso e o número do cruzamento. Após cada polinização as pinças foram imersas em álcool 70% para evitar contaminação com pólen indesejável.

Aproximadamente uma semana após a polinização, os “pegs” começaram a surgir, estes foram identificados com etiquetas para facilitar a colheita da vagem híbrida, sendo colhidos em torno de 60 dias após as hibridações e identificados com as informações referentes às respectivas etiquetas de cruzamentos. As vagens foram secas a sombra no período de sete dias. Posteriormente, as sementes foram retiradas e usadas para semeadura dos $F_{1's}$. Por ocasião da colheita, foram obtidas as sementes $F_{2's}$ naturalmente, isto é, por autofecundação.

3.4 Avaliação das populações $F_{2's}$, $F_{2's}$ recíprocas e genitores

As populações $F_{2's}$, $F_{2's}$ recíprocas e os respectivos genitores foram avaliados em campo, totalizando 16 tratamentos distribuídos no delineamento em blocos casualizados com 3 repetições. Cada parcela foi composta de 30 plantas distribuídas em duas linhas de 6,0 m de comprimento, espaçadas de 0,60 m, com 0,40 m entre plantas. Nas bordaduras foram semeadas duas fileiras do cultivar BR-1 com espaçamento de 0,3 m entre fileiras e 0,2 m entre plantas, totalizando 65 plantas/linha.

Os sulcos foram abertos manualmente com auxílio de enxadas a uma profundidade de 5 cm, onde foram feitas adubação com esterco bovino curtido de acordo com a necessidade da cultura. O experimento foi conduzido em condições de irrigação e os tratos culturais foram realizados conformes recomendados para a cultura.

3.5 Caracteres avaliados

As populações foram avaliadas por uma amostragem de plantas por tratamento (n): genitores (n=5), $F_{1's}$ (n= 3), $F_{2's}$ e $F_{2's}$ recíprocas (n variando de 5 a 78). No entanto, durante a condução do ensaio ocorreram perdas e/ou ausência de sementes e plantas em alguns tratamentos, reduzindo o número de amostragem. Além do que, houve um cruzamento que não gerou sementes (descendentes) ocorrendo ausência de tratamento no estudo.

Os caracteres considerados foram os seguintes:

- ✓ Por ocasião da Colheita:

- Número de vagens maduras (NVM) - contagem número total de vagens maduras por planta;
 - Número total de ginóforos (NTG) - contagem dos ginóforos com alongação da haste principal e dos ramos laterais;
 - Número de ginóforos terço inferior (NGTI) - contagem dos ginóforos com alongação da haste principal e dos ramos laterais abaixo de 15 cm;
 - Altura da haste principal (AHP) - medida desde a base da haste principal junto ao solo com auxílio de régua graduada em centímetros. De 60 a 90 dias após a emergência das plântulas.
- ✓ No laboratório de Genética e Melhoramento da UNILAB:
- Comprimento da vagem (CV) - registrado a distância entre os dois pontos (vertical) da vagem;
 - Largura da vagem (LV) - medida na parte mediana (horizontal) da vagem;
 - Comprimento da semente (CS) - registrado da distância entre os dois pontos (verticalmente) da semente;
 - Largura da semente (LS) - medida na parte mediana (horizontal) da semente;
 - Cor da semente (CS) - cor predominante do tegumento da semente madura, classificadas visualmente em: bege, vermelho, rosa e marrom. As discriminações por cores não foram claramente evidentes, principalmente entre bege e rosa, como também vermelho e marrom.
 - Forma da semente (FS) - conforme a relação comprimento/largura e espessura/largura. Foram classificadas as sementes de forma arredondada as que apresentavam uma relação de comprimento/largura $\leq 1,50$ mm e alongada de $\geq 1,50$ mm.

As medições das vagens e sementes foram tomadas com auxílio de paquímetro digital graduado em milímetro. Para a tomada de dados dos descritores morfológicos, cor e forma, foi utilizada a lista internacional de descritores (IBPGR; IPGRI, 1992).

3.6 Análises genético-estatísticas

Os caracteres determinantes de aspectos visuais da semente, cor e forma, foram submetidos ao teste de qui-quadrado (χ^2).

O modelo genético-estatístico adotado para analisar os caracteres descritos no item 3.5 foi baseado no método I proposto por Griffing (1956), no qual:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + e_{ij}$$

em que: Y_{ij} : valor fenotípico médio da população F_2 ou recíproca ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$); m : média geral; g_i e g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo e do j -ésimo genitor, ($i, j = 1, 2 \dots p$) considerado como fixo; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j considerado como fixo; r_{ij} : efeito recíproco que mede as diferenças proporcionadas pelo genitor i , ou j , quando utilizado como macho ou fêmea no cruzamento ij considerado como fixo; e e_{ij} : erro experimental.

Para estimar os efeitos da capacidade combinatória, geral e específica, dos efeitos recíprocos e das respectivas somas de quadrados, foi utilizado o método dos mínimos quadrados e as equações normais $X' \hat{\beta} = X' Y$, derivadas a partir do modelo linear $Y = X\beta + \varepsilon$, em que $\varepsilon \sim NID(\phi, l\sigma_\varepsilon^2)$. Posteriormente, os efeitos resultantes foram organizados em esquema de análise de variância (Tabela 2), estruturada da seguinte forma:

Tabela 2. Esquema do resumo da análise de variância de dialelo envolvendo quatro genitores, populações F_2 's e F_2 's recíprocas, de acordo com o método I de Griffing (1956). Fortaleza/CE, 2019.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrado Médio	Teste F
Tratamentos	p^2-1	QMT	QMT/QMR
CGC (Genitores)	$p-1$	QMCGC	QMCGC/QMR
CEC (F_2 's)	$p(p-1)/2$	QMCEC	QMCEC/QMR
F_2 's Recíprocas	$p(p-1)/2$	QMRC	QMRC/QMR
Resíduo	f	QMR	

Os efeitos foram testados pelo teste F ($p < 0,05$), sendo os dados do número de vagens maduras, número total de ginóforos e número de ginóforos do terço inferior transformados em raiz quadrada de $(x+0,5)$, por não apresentarem distribuição normal. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em Genética e Estatística GENES (CRUZ, 2013).

3.7 Parâmetros genéticos

A partir das análises de variâncias do dialelo, foram estimados o diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação e aos efeitos da específica de combinação, pelas seguintes expressões apresentadas conforme CRUZ, 2005:

O diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação foi estimado através das expressões:

$$\hat{\phi}_{CGC} = \frac{1}{4} \hat{\phi}_A$$

$$\hat{\phi}_{CGC} = \frac{QMCGC - QMR}{n(p-2)}$$

O diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade específica de combinação foi estimado pelas expressões:

$$\hat{\phi}_{CEC} = \frac{1}{4} \hat{\phi}_D$$

$$\hat{\phi}_{CEC} = \frac{QMCEC - QMR}{n}$$

em que:

$\hat{\phi}_{CGC}$ = diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação;

$\hat{\phi}_A$ = diferencial genotípico aditivo

$\hat{\phi}_{CEC}$ = diferencial genotípico associado aos efeitos da específica de combinação;

$\hat{\phi}_D$ = diferencial genotípico devido aos desvios de dominância;

$QMCGC$ = Quadrado médio da capacidade geral de combinação;

$QMCEC$ = Quadrado médio da capacidade específica de combinação

QMR = Quadrado médio do resíduo;

n = número de descendentes híbridos;

p = genitores.

Quando os tratamentos são considerados fixos, a herdabilidade é denominada coeficiente de determinação genotípico (H^2), que expressa a proporção da variância genotípica devido ao diferencial genotípico entre as médias do tratamento. Foi estimado por:

$$H^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{\frac{QMT}{r}}$$

sendo que:

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMT - QMR}{r}$$

QMT = Quadrado médio do tratamento

QMR = Quadrado médio do resíduo

r = repetição

Também foi estimado o número mínimo de genes envolvido na determinação de cada caráter conforme a expressão abaixo:

$$n = \frac{(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)}{8VG(F_2)}$$

em que:

n = número de genes

\bar{P}_1 = Média do genitor 1

\bar{P}_2 = Média do genitor 2

$VG(F_2)$ = Variância genotípica na F_2

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracteres relacionados aos aspectos visuais da semente

A herança da cor da semente está entre os caracteres mais complexos da cultura do amendoim, pois parece ser controlado por um número variável de genes, dependendo dos genitores envolvidos nos cruzamentos (Tabela 3). Knauft & Wynne (1995) relatam que dois pares de genes F_1F_2 e D_1D_2 são responsáveis pela presença ou ausência de pigmentação. Contudo, para que haja cor é necessário a existência de um dos alelos dominantes de F e um D. Hammons *et al.* (1982) propõem que existem cinco *loci* envolvidos na cor da semente do amendoim, entre eles, dois genes, R_1 e R_2 , controlam a cor da película e são de dominância incompleta.

Herança trigênica foi observada em três cruzamentos, EAC 43 x EAC 26 (bege x vermelho) do tipo 40:21:3 (bege, vermelho e rósea), EAC 26 x EAC 33 (vermelho x vermelho) com proporção 63:1 (vermelho: bege) e EAC 69 x EAC 43 (marrom claro x bege) de padrão segregativo 39: 22: 3 (bege, vermelho e rósea).

Em outros cruzamentos ficou constatado que quatro genes são responsáveis pelo controle genético da cor da semente. Do cruzamento entre EAC 43 x EAC 69, com tegumentos de coloração bege e marrom, respectivamente, houve segregação de 223: 33 (bege e rósea). No cruzamento EAC 69 x EAC 26 (marrom claro x vermelho) observou padrão segregativo de 66:180:10 (bege: vermelho: rósea). O cruzamento entre plantas que apresentam tegumento de semente bege e vermelha, EAC 43 x EAC 33, proporcionou segregação 210:27:19 (bege: vermelha: rósea). Verifica-se padrão de segregação variado mesmo com genitores que exibem semelhanças fenotípicas, evidenciando que a herança deste caráter não é tão simples quanto se pensa.

Patel *et al.* (1936) cruzaram genótipos de amendoim de sementes vermelhas com outros de semente de cor rósea e verificaram que em F_1 a cor vermelha predominou, mas que na F_2 houve segregação de 3:1, indicando que existe um único alelo diferente entre vermelho e rosa. Contudo, Hammons (1973) observou vários cruzamentos entre genitores com diferentes colorações para tegumentos da semente de amendoim e constatou diversos padrões de segregação, talvez influenciados por genes citoplasmáticos, como 3:1 (vermelho x marrom claro); 13:3 (vermelho x rósea); 39:9:16 (branco x vermelho); 45:15:4 (branco x rósea).

Observando os cruzamentos em que o EAC 33 foi usado como mãe, identificou-se apenas o fenótipo vermelho nas progênes resultantes com tendência de segregação 1023:1, herança

controlada por cinco genes. Embora não tenha sido observada diferença estatística, talvez pelo reduzido tamanho da amostra, é plausível supor que há um efeito crucial do fenótipo do genitor materno nos descendentes gerados, podendo estar associado aos *loci* R ou F. Esses *loci* também interagem com outros, R, para governar a expressão dos fenótipos vermelho e branco (HAMMONS, 1973). Higgins (1940) foi o primeiro a sugerir e Hammons (1963) demonstrou que a presença de um alelo (F₁ ou F₂) é necessário para expressar a coloração vermelho.

De acordo com Wynne & Coffelt (1982) a cor do tegumento de sementes de amendoim é influenciada por efeito materno. Cruzamentos recíprocos entre genitores de tegumento vermelho e bege, revelaram efeito materno (SANTOS *et al.*, 2013). Contudo, esses autores observaram ainda herança digênica com variações de tonalidade do vermelho e possíveis efeitos epistáticos. Efeito materno e citoplasmáticos dificultam ainda mais a compreensão do controle genético dos caracteres.

Para o cruzamento EAC 26 x EAC 69, houve uma forte tendência de observar o padrão segregativo monogênico (3 vermelhas: 1 bege), o que corrobora com resultados observados por Balaiah *et al.* (1977) para herança de vários caracteres referentes a planta e semente do amendoim.

Evidências indicam que alguns caracteres em amendoim sofrem influência de genes duplicados, provavelmente devido à natureza alotetraplóide da espécie. Higgins (1940) propôs que a produção de pigmento é condicionada por genes duplicados D₁d₁D₂d₂, assim como cor do tegumento para rósea, castanho-avermelhado ou castanho, estes últimos são equivalentes aos genes R₁r₁R₂r₂ sugerido por Patel *et al.* (1936). Além disso, esses mesmos autores destacaram que os alelos que produzem a cor rosa no revestimento de sementes também produzem pigmentação roxa dos caules. Devido à interação de genes de coloração e à dificuldade de classificar cores de intensidade variável, as explicações genéticas da herança de algumas cores têm sido bastante complexas (HAMMONS, 1973).

Embora o amendoim possua diferentes cores (branco, bege, rósea, vermelho, roxo) e várias tonalidades para cada uma delas, comercialmente grãos de cor vermelha, bege e rósea são os mais aceitos no mercado interno e externo (BOLONHEZI *et al.*, 2013). Para o melhoramento genético da cultura, deve ser considerado o tipo comercial de grão, que é representado pela cor, tamanho e forma da semente. Portanto, a compreensão da herança desses caracteres é fundamental para o estabelecimento das estratégias de seleção e desenvolvimento de novos cultivares.

Quanto ao caráter forma da semente, considerou-se sementes que apresentaram relação comprimento/largura $\leq 1,50$ mm como arredondadas e aquelas com relação $\geq 1,50$ mm como

alongadas (Tabela 4). Balaiah *et al.* (1977) e Wynne *et al.* (1989) relatam que vários caracteres da vagem e semente, a exemplo de forma da semente, apresentam herança monogênica. Entretanto, neste estudo não se verificou isto, a exemplo do cruzamento entre os genitores EAC 43 x EAC 33 (arredondada x alongada) em que observou-se padrão segregativo 49:15, ou seja, herança trigênica com presença de epistasia.

Para a maioria dos cruzamentos, exceto dois, foi observado significância estatística para quatro genes controlando o caráter supracitado, divergindo apenas nas proporções fenotípicas, por ações epistáticas distintas. No cruzamento entre EAC 43 x EAC 69 (arredondada x alongada) houve um bom ajuste para o padrão segregativo do tipo 1023:1. Ainda que os genótipos tenham apresentado diferenças quanto à forma, não foi verificada variação na descendência; contudo, o tamanho reduzido da amostra talvez tenha comprometido a significância do teste. Por outro lado, para o cruzamento EAC 69 x EAC 33 (alongada x alongada) houve significância para o modelo 1023:1, comprovando que o controle do caráter é condicionado por cinco genes entre esses genótipos.

É importante ressaltar que foi observado variação fenotípica nas progênes, embora utilizado dois genitores que visualmente apresentavam o mesmo fenótipo. Outro fator a ser observado é que podem existir várias constituições genotípicas para a forma alongada, uma vez que cruzamentos entre genótipos que apresentaram forma da semente alongada foram significativos para herança controlada por três, quatro e cinco genes. Além do que, para essa situação e algumas envolvendo a coloração do tegumento, leva-se a acreditar que na expressão desses caracteres estejam envolvidos outros fenômenos genéticos como penetrância e/ou expressividade.

4.2 Caracteres relacionados a produção de grãos

As médias do número de vagens maduras, número total de ginóforos, número de ginóforos do terço inferior, altura da haste principal, comprimento da vagem, largura da vagem, comprimento da semente e largura da semente (Tabelas 5 e 6), mostram expressões contrastantes entre os genitores de amendoim usados no presente estudo. Para estudo de herança é indispensável que os genitores sejam homozigotos e divergentes para o caráter de interesse. De acordo com Cruz *et al.* (2012) a escolha dos genitores é etapa primordial, principalmente para caracteres quantitativos, pois devem ser escolhidos para formar gerações com alta segregação, permitindo estimar com mais precisão os parâmetros genéticos.

Para todos os caracteres, com exceção do número de vagens maduras, a média da geração F₂ superou a média dos genitores em pelo menos um cruzamento. Da mesma forma, observou-se superioridade das variâncias dessa geração em comparação das estimadas nos genitores, fato esclarecido pela recombinação dos genes, os quais contribuíram para aumentar a variabilidade genética que é somada aos efeitos da variância ambiental. As médias das F₁s foram intermediárias ou superiores aos dos genitores para todos os caracteres, indicando a expressão de efeitos gênicos não-aditivos (dominância ou sobredominância).

Os coeficientes de variação experimental para os caracteres considerados apresentaram estimativas aceitáveis para estudos dessa natureza (Tabelas 7 e 8), reiterando com isso alta confiabilidade dos resultados obtidos. Para o caráter comprimento da vagem, a magnitude de CV foi inferior a 4%, enquanto número de vagens maduras, número total de ginóforos e do terço inferior e altura da haste principal foram mais elevados, muito provavelmente por serem caracteres mais influenciados pelas condições ambientais. É necessário ressaltar que grande parte dos tratamentos se encontrava na geração F₂, o que implica em elevada segregação e variação entre as parcelas experimentais.

Foram verificadas diferenças significativas ($p < 0,05$) para efeito de tratamento em cinco caracteres: número de vagens maduras, número total de ginóforos e do terço inferior, altura da haste principal e comprimento da semente (Tabelas 7 e 8), o que denota diferenças genéticas entre os genitores e progênies (F₂ e recíprocos). Resultados semelhantes também foram obtidos para caracteres número de vagens maduras e altura da planta por Gupta *et al.* (2015), Dewangan *et al.* (2015) e Usman *et al.* (2015). Isso mostra que é possível gerar variabilidade genética para os caracteres supracitados e, posteriormente, praticar seleção com o intuito de elevar as médias dos materiais genéticos derivados.

Na decomposição do efeito de tratamento observou efeito significativo ($p < 0,05$) para capacidade geral de combinação (CGC) para todos os caracteres envolvidas no estudo e efeito significativo ($p < 0,05$) para capacidade específica de combinação (CEC) para número de vagens maduras, números de ginóforos totais e número de ginóforos do terço inferior (Tabelas 7 e 8). Isso demonstra que os genitores divergiram entre si quanto aos efeitos gênicos aditivos e as combinações para efeitos gênicos aditivos e não-aditivos.

Wynne *et al.* (1975) e Gibori *et al.* (1978) observaram maiores magnitudes dos efeitos gênicos aditivos para comprimento da vagem; Alam *et al.* (2013) verificaram para número de vagens por planta e altura da haste principal e Venuprasad *et al.* (2011) para comprimento e largura da semente. De fato, isso é observado na maioria das espécies autógamas, como é o caso do amendoim. Wynne & Gregory (1981) relatam que as estimativas dos efeitos gênicos aditivos foram mais importantes que os efeitos gênicos não-aditivos para caracteres de importância econômica dessa oleaginosa, sendo potencialmente útil aos melhoristas, pois pode ser fixada em genótipos homozigotos. Estimativas semelhantes foram encontradas por Hampannavar *et al.* (2018) para caracteres relacionados a produtividade, a exemplo da altura de planta e número de vagens maduras.

Entretanto, as estimativas do diferencial genotípico indicaram que os efeitos genéticos não aditivos foram mais relevantes e responsáveis por mais da variação do que os efeitos aditivos (Tabela 9), demonstrando a importância dos desvios de dominância na expressão desses caracteres. Com exceções para os caracteres número de vagens maduras e largura da vagem que houve predominância de efeitos gênicos aditivos. Uma particularidade deve ser considerada nessa espécie, a alotetraploidia ($2n=4x=40$) e o controle genético de vários caracteres, que pode ser influenciado por ação de genes duplicados (HAMMONS, 1973).

Adicionalmente, em se tratando de populações segregantes, é muito provável que hajam interações intragenômicas e intergenômicas e, por essa razão, o componente não aditivo assumirá importância no controle de alguns caracteres da planta. Nesse sentido, embora sejam explorados economicamente cultivares homozigotos do tipo linhagens, atenção especial deve ser dada aos esquemas de seleção na tentativa de capturar genótipos que apresentem ação gênica aditiva e não aditiva.

O efeito recíproco, que expressa diferenças entre as combinações conforme se inverte a ordem dos genitores (ora como macho e ora como fêmea), foi significativo ($p < 0,05$) para número total de ginóforos e do terço inferior e altura da haste principal (Tabelas 7 e 8), indicando a presença de efeito materno e/ou herança extracromossômica por genes dos plastos ou mitocondriais. Efeito recíproco também foi observado em outros estudos da herança de

caracteres econômicos do amendoim, como comprimento, largura da vagem e semente (HARIPRASANNA *et al.*, 2008; VENUPRASAD *et al.*, 2011). Dwivedi *et al.* (1989) verificaram em progênies F₁ efeito materno para caracteres de vagens e sementes em seis combinações experimentais. Assim, para melhorar a expressão desses caracteres devem-se considerar a escolha do genitor a ser usado como fêmea nos programas de melhoramento.

O coeficiente de determinação genotípico, estimativa similar à herdabilidade, é um dos parâmetros genéticos mais importantes ao melhorista, sendo imprescindível para determinar resposta à seleção. É utilizado quando os tratamentos são considerados fixos, ou seja, quando as conclusões forem restritas ao seu conjunto de genótipos. Nesse estudo, foi devido ao número limitado de genótipos. No geral, os coeficientes de determinação genotípica foram elevados, com exceção da largura da vagem, comprimento e largura da semente (Tabela 9). Isso mostra que o componente não aditivo (desvios de dominância) apresenta papel preponderante na expressão daqueles caracteres. Portanto, sabendo da complexidade genômica da espécie, torna-se importante a escolha de genitores que apresentem máxima complementação gênica, a fim de se gerar interações que possam resultar em melhores fenótipos.

Caracteres como número total de ginóforos, altura da haste principal e comprimento da vagem, que se correlacionam positivamente com produção de grãos (ALAM *et al.*, 2013, JAIN *et al.*, 2016) apresentaram no geral médios a altos coeficientes de determinação genotípica, corroborando com os resultados obtidos por Korat *et al.* (2009), Patil *et al.* (2014), Dewangan *et al.* (2015) e Balaraju; Kenchanagoudar (2016). Isso significa dizer que esses caracteres são relativamente pouco afetados pelo ambiente e o processo seletivo pode ser balizado sem complexidade pelo fenótipo. As estimativas de baixos coeficientes de determinação genotípica, a exemplos de largura de vagem e semente, indicam que a seleção para este caráter deve ser cautelosa, uma vez que existe maior influência do meio ambiente na expressão fenotípica, ou seja, pouca confiabilidade do genótipo em transmitir o fenótipo desejável aos descendentes.

A estimativa do número de genes é um outro parâmetro que indica a complexidade da herança do caráter, isto é, se é de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (ALLARD, 1971). O cruzamento entre EAC 33 x EAC 43 foi que determinou maior número de genes no controle genético dos caracteres (Tabela 10). Isso sugere que a distância genética entre esses dois genitores é a maior, ou seja, são os mais contrastantes entre o grupo cruzado. Acordando com resultados obtidos por Castro *et al.* (2017) e Julião *et al.* (2017) em estudos de divergência genética entre esses genitores. Wynne & Coffelt (1982) relataram que o número de genes pode variar no estudo de herança, visto que, menos genes são detectados no controle do caráter entre

parentais mais próximos, enquanto o maior número de genes ou alelos diferentes são identificados controlando o caráter entre parentais mais divergentes.

O cruzamento entre EAC 69 x EAC 33 foi o que apresentou um menor número de genes, podendo-se deduzir que esses genitores não são suficientemente divergentes para a maioria dos caracteres estudados. Assim, os valores estimados do número de genes demonstram que cada cruzamento tem particularidades, variando de acordo com os genótipos utilizados. Como uma forma de obter resultados mais confiáveis, buscou-se estimar a média entre os cruzamentos realizados. Desta forma, verificou-se que o caráter com herança mais complexa por esse parâmetro foi o número de vagens maduras e o mais simples comprimento da semente. Na literatura são escassas as informações a esse respeito para o amendoim. Todavia, Baldoni *et al.* (2002) relata que é importante identificar o número de genes que controlam os caracteres a fim de se poder prever as chances de seleção dos fenótipos desejados e, simultaneamente, dimensionar o tamanho da população segregante a ser utilizada.

Tabela 5. Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [$V(\mu)$] do número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI) e altura da haste principal (AHP), avaliados nas populações P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

Cruzamento	População	n	NVM			NTG			NGTI			AHP		
			μ	σ^2	$V(\mu)$									
♀ ♂														
EAC 43 x EAC 33	P ₁	5	26,40	61,30	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	P ₂	5	17,80	23,70	4,74	10,80	43,70	8,74	3,80	1,70	0,34	27,50	16,50	3,30
	F ₁	3	11,00	31,00	10,33	12,00	64,00	21,33	6,00	3,00	1,00	44,00	79,00	26,33
	F ₂	15	18,60	58,97	3,93	6,06	18,35	1,22	3,46	5,69	0,37	28,83	55,80	3,72
EAC 43 x EAC 26	P ₁	5	26,40	61,30	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	P ₂	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	F ₁	3	10,33	121,33	40,44	4,33	6,33	2,11	3,00	1,00	0,33	41,33	158,33	52,77
	F ₂	15	26,20	91,17	6,07	10,80	93,45	6,23	3,20	3,45	0,23	28,53	111,12	7,40
EAC 43 x EAC 69	P ₁	5	26,40	61,30	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	P ₂	5	30,60	40,80	8,16	27,40	113,80	22,76	9,6	11,30	2,26	24,80	19,70	3,94
	F ₁	2	6,00	0	0	12,00	200,00	100,00	11,00	2,00	1,00	38,5	24,50	12,25
	F ₂	14	23,07	78,22	5,58	5,71	22,68	1,62	3,42	5,80	0,41	29,07	36,37	2,59
EAC 33 x EAC 43	P ₁	5	17,80	23,70	4,74	10,80	43,70	8,74	3,80	1,70	0,34	27,50	16,5	3,30
	P ₂	5	26,40	61,30	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	F ₁	3	24,33	6,33	2,11	12,66	6,33	2,11	10,33	6,33	2,11	35,33	5,33	1,77
	F ₂	15	20,00	23,85	1,59	7,66	16,38	1,09	4,13	4,26	0,28	28,93	96,45	6,43
EAC 33 x EAC 26	P ₁	5	17,80	23,70	4,74	10,80	43,70	8,74	3,80	1,70	0,34	27,50	16,5	3,30
	P ₂	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	F ₁	3	37,00	183,00	61,00	18,00	127,00	42,33	26,66	33,33	11,11	10,33	94,33	31,44
	F ₂	15	19,06	106,63	7,10	4,93	22,35	1,49	3,60	13,54	0,90	18,53	133,80	8,92
EAC 33 x EAC 69	P ₁	5	17,80	23,70	4,74	10,80	43,7	8,74	3,80	1,70	0,34	27,50	16,50	3,30
	P ₂	5	30,60	40,80	8,16	27,40	113,8	22,76	9,6	11,30	2,26	24,80	19,70	3,94
	F ₁	3	27,00	4,00	1,33	8,66	5,33	1,77	10,66	41,33	13,77	32,00	9,00	3,00
	F ₂	15	18,53	119,40	7,96	8,53	131,98	8,79	3,00	10,71	0,71	34,20	104,74	6,98

Continua

Tabela 5. Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [$V(\mu)$] do número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI) e altura da haste principal (AHP), avaliados nas populações P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

Cruzamento ♀ ♂	População	n	NVM			NTG			NGTI			AHP		
			μ	σ^2	V(μ)									
EAC 26 x EAC 43	P ₁	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	P ₂	5	26,40	23,70	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	F ₁	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	F ₂	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
EAC 26 x EAC 33	P ₁	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	P ₂	5	17,80	23,70	4,74	10,80	43,70	8,74	3,80	1,70	0,34	27,50	16,5	3,30
	F ₁	3	31,33	65,33	21,77	10,66	2,33	0,77	3,33	0,33	1,11	10,33	94,33	31,44
	F ₂	15	20,53	104,12	6,94	4,73	24,20	1,61	3,33	15,23	1,01	18,53	133,80	8,92
EAC 26 x EAC 69	P ₁	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	P ₂	5	30,60	40,80	8,16	27,40	113,80	22,76	9,6	11,30	2,26	24,80	19,70	3,94
	F ₁	2	11,50	0,50	0,25	14,00	2,00	1,00	14,00	2,00	1,00	5,00	2,00	1,00
	F ₂	15	24,73	165,92	11,06	13,93	247,35	16,49	4,93	24,20	1,61	26,40	86,82	5,78
EAC 69 x EAC 43	P ₁	5	30,60	40,80	8,16	27,40	113,80	22,76	9,6	11,30	2,26	24,80	19,70	3,94
	P ₂	5	26,40	61,30	12,26	5,40	4,30	0,86	3,20	1,70	0,34	29,00	25,00	5,00
	F ₁	3	37,00	193,00	64,33	17,33	6,33	2,11	10,66	2,33	0,77	24,00	3,00	1,00
	F ₂	15	22,26	160,06	10,67	12,66	137,23	9,14	6,33	31,23	2,08	25,40	41,97	2,78
EAC 69 x EAC 33	P ₁	3	26,66	17,33	5,77	26,33	102,33	34,11	9,6	16,33	5,44	23,66	34,33	11,44
	P ₂	3	15,33	12,33	4,11	10,00	21,00	0,14	4,00	1,00	0,33	27,16	7,58	2,52
	F ₁	1	22,00	2,00	1,00	24,50	0,50	4,00	8,5	0,50	0,25	23,50	0,50	0,25
	F ₂	5	20,20	116,20	23,24	19,20	20,20	0,24	9,4	33,30	6,66	23,00	2,00	0,40
EAC 69 x EAC 26	P ₁	5	30,60	40,80	8,16	27,40	113,80	22,76	9,6	11,30	2,26	24,80	19,70	3,94
	P ₂	5	10,40	4,80	0,96	3,20	3,20	0,64	2,80	2,20	0,44	4,50	2,75	0,55
	F ₁	3	16,33	97,33	32,44	14,66	108,33	36,11	6,00	7,00	2,33	26,66	2,33	0,77
	F ₂	15	24	165,92	11,06	13,93	247,35	16,49	4,93	24,20	1,61	26,40	86,82	5,78

Conclusão

Tabela 6. Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [$V(\mu)$] do comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), avaliados nas populações P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

Cruzamento ♀ ♂	População	n	CV			LV			CS			LS		
			μ	σ^2	$V(\mu)$									
EAC 43 x EAC 33	P ₁	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	P ₂	5	29,64	4,43	0,88	10,81	0,77	0,15	13,05	0,08	0,01	8,13	0,48	0,09
	F ₁	3	20,52	1,61	0,53	9,87	1,04	0,34	10,65	1,80	0,60	6,01	0,32	0,10
	F ₂	15	23,52	28,90	1,92	10,19	3,77	0,25	11,52	5,35	0,35	7,29	1,79	0,11
EAC 43 x EAC 26	P ₁	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	P ₂	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	F ₁	3	20,74	2,63	0,87	10,28	0,15	0,05	12,57	1,72	0,57	6,92	1,78	0,59
	F ₂	15	26,06	6,90	0,46	11,41	0,99	0,06	13,41	6,60	0,44	7,51	1,01	0,06
EAC 43 x EAC 69	P ₁	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	P ₂	5	28,46	2,39	0,47	11,56	0,01	0,00	14,20	0,26	0,05	7,07	0,22	0,04
	F ₁	2	22,90	19,22	9,61	16,96	113,55	56,77	10,37	0,28	0,14	8,58	19,46	9,73
	F ₂	14	26,05	3,29	0,23	10,95	0,24	0,01	12,43	0,35	0,02	7,30	0,83	0,05
EAC 33 x EAC 43	P ₁	5	29,64	4,43	0,88	10,81	0,77	0,15	13,05	0,08	0,01	8,13	0,48	0,09
	P ₂	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	F ₁	3	28,79	0,26	0,08	9,30	0,84	0,28	13,98	0,63	0,21	7,39	0,75	0,25
	F ₂	15	28,15	2,56	0,17	11,72	0,71	0,04	13,14	0,36	0,02	8,22	0,32	0,02
EAC 33 x EAC 26	P ₁	5	29,64	4,43	0,88	10,81	0,77	0,15	13,05	0,08	0,01	8,13	0,48	0,09
	P ₂	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	F ₁	3	29,14	1,54	0,51	11,46	0,07	0,02	15,01	0,40	0,13	7,47	0,40	0,13
	F ₂	15	26,50	8,91	0,59	12,13	1,88	0,12	12,52	1,96	0,13	7,64	0,85	0,05
EAC 33 x EAC 69	P ₁	5	29,64	4,43	0,88	10,81	0,77	0,15	13,05	0,08	0,01	8,13	0,48	0,09
	P ₂	5	28,46	2,39	0,47	11,56	0,01	0,00	14,20	0,26	0,05	7,07	0,22	0,04
	F ₁	3	25,35	23,92	7,97	10,93	3,70	1,23	13,81	0,04	0,01	7,92	0,40	0,13
	F ₂	15	26,24	6,25	0,41	12,62	0,34	0,02	12,87	0,47	0,03	8,46	0,42	0,02

Continua

Tabela 6. Número de plantas (n), média (μ), variância (σ^2) e variância da média [$V(\mu)$] do comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), avaliados nas populações P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s resultantes dos cruzamentos em acessos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019

Cruzamento ♀ ♂	População	n	CV			LV			CS			LS		
			μ	σ^2	V(μ)									
EAC 26 x EAC 43	P ₁	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	P ₂	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	F ₁	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	F ₂	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
EAC 26 x EAC 33	P ₁	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	P ₂	5	29,64	4,43	0,88	10,81	0,77	0,15	13,05	0,08	0,01	8,13	0,48	0,09
	F ₁	3	28,26	0,76	0,25	10,40	0,52	0,17	12,34	4,17	1,39	5,00	0,75	0,25
	F ₂	15	25,13	9,81	0,65	11,86	2,07	0,13	12,39	2,30	0,15	7,70	0,36	0,02
EAC 26 x EAC 69	P ₁	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	P ₂	5	28,46	2,39	0,47	11,56	0,01	0,00	14,20	0,26	0,05	7,07	0,22	0,04
	F ₁	2	23,10	8,82	4,41	9,66	2,71	1,35	11,65	0,85	0,42	5,40	1,63	0,81
	F ₂	9	25,59	9,31	1,03	10,49	0,45	0,05	11,23	0,25	0,02	7,04	0,16	0,01
EAC 69 x EAC 43	P ₁	5	28,46	2,39	0,47	11,56	0,01	0,00	14,20	0,26	0,05	7,07	0,22	0,04
	P ₂	5	14,86	6,49	1,29	8,68	8,39	1,67	10,47	11,85	2,37	6,63	4,03	0,80
	F ₁	3	27,33	3,06	1,02	10,52	0,93	0,31	14,14	2,22	0,74	7,97	0,16	0,05
	F ₂	15	26,53	9,89	0,65	11,33	1,63	0,10	13,30	1,89	0,12	7,50	1,29	0,08
EAC 69 x EAC 33	P ₁	3	27,76	0,09	0,03	11,06	0,03	0,01	14,13	0,19	0,06	7,11	0,20	0,06
	P ₂	3	29,20	6,91	2,30	10,35	0,72	0,24	13,01	0,11	0,03	8,20	0,42	0,14
	F ₁	1	29,11	0,02	0,01	10,47	0,44	0,22	15,07	0,00	0,00	8,17	0,06	0,03
	F ₂	5	26,90	5,95	1,19	11,65	0,18	0,03	13,64	1,11	0,22	6,65	1,24	0,24
EAC 69 x EAC 26	P ₁	5	28,46	2,39	0,47	11,56	0,01	0,00	14,20	0,26	0,05	7,07	0,22	0,04
	P ₂	5	21,40	64,02	12,80	7,70	9,04	1,80	9,28	11,12	2,22	5,00	4,97	0,99
	F ₁	3	28,49	13,34	4,44	11,83	0,08	0,02	13,33	1,63	0,54	6,16	0,55	0,18
	F ₂	15	24,97	45,70	3,04	14,32	52,52	3,50	9,55	22,08	1,47	7,36	11,98	0,79

Conclusão

Tabela 7. Resumo das análises de variância para número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número de ginóforos do terço inferior (NGTI) e altura da haste principal (AHP), conforme método I proposto por Griffing (1956) para um dialelo envolvendo quatro genitores, híbridos F₂'s e recíprocos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

FV	GL	QM			
		NVM	NTG	NGTI	AHP
Tratamento	15	1,36*	2,77*	0,82*	228,90*
CGC (Genitores)	3	2,46*	5,25*	0,96*	747,84*
CEC (F ₂ 's)	6	0,47*	2,43*	0,76*	27,43 ^{NS}
F ₂ 's Recíprocas	6	0,40 ^{NS}	1,87*	0,82*	170,90*
Resíduo	30	0,40	0,30	0,25	24,55
Média		4,47 (21,57) ¹	2,84 (10,28) ¹	2,07 (4,63) ¹	24,84
CV (%)		14,14	19,28	24,15	19,94

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F e ^{NS} não significativo.

¹ Os dados originais foram transformados por meio de raiz (x+1). Os valores entre parênteses se referem as médias dos dados não transformados.

Tabela 8. Resumo das análises de variância para comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), conforme método I proposto por Griffing (1956) para um dialelo envolvendo quatro genitores, híbridos F₂'s e recíprocos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

FV	GL	QM			
		CV	LV	CS	LS
Tratamento	15	13,89 ^{NS}	5,13 ^{NS}	6,71*	1,44 ^{NS}
CGC (Genitores)	3	37,92*	9,05*	15,94*	3,22*
CEC (F ₂ 's)	6	8,38 ^{NS}	3,19 ^{NS}	5,77 ^{NS}	0,84 ^{NS}
F ₂ 's Recíprocas	6	7,38 ^{NS}	5,11 ^{NS}	3,02 ^{NS}	1,15 ^{NS}
Resíduo	30	1,00	3,00	3,27	0,86
Média		25,64	11,26	12,19	7,34
CV (%)		3,90	15,38	14,83	12,63

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F e ^{NS} não significativo.

¹ Os dados originais foram transformados por meio de raiz (x+1). Os valores entre parênteses se referem as médias dos dados não transformados.

Tabela 9. Estimativas do diferencial genotípico associado aos efeitos da capacidade geral de combinação, diferencial genotípico associado aos efeitos da específica de combinação e coeficiente de determinação genotípica para número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número ginóforos do terço inferior (NGTI), altura da haste principal (AHP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS) e largura da semente (LS) dos cruzamentos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

	NVM	NTG	NGTI	AHP	CV	LV	CS	LS
$\hat{\phi}_A$	28,71	27,99	0,01	1,35	1,84	4,24	0,60	0,00
$\hat{\phi}_D$	20,05	32,63	0,47	110,83	4,61	0,72	1,58	0,28
H ² (%)	71,11	89,13	70,37	89,26	92,65	41,52	51,12	39,58

Tabela 10. Estimativa do número de genes para número de vagens maduras (NVM), número total de ginóforos (NTG), número ginóforos terço inferior (NGTI), altura da haste principal (AHP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) dos cruzamentos de amendoim (*Arachis hypogaea*). Fortaleza/CE, 2019.

Cruzamentos		Número de genes							
♀	♂	NVM	NTG	NGTI	AHP	CV	LV	CS	LS
EAC 43	x EAC 33	5,76	0,95	2,39	15,92	1,18	5,10	3,77	4,70
EAC 43	x EAC 26	9,73	1,53	1,57	5,77	1,16	0,38	3,25	1,16
EAC 43	x EAC 69	1,85	0,42	6,52	4,25	0,49	0,00	0,17	0,13
EAC 33	x EAC 43	98,52	23,16	32,00	1,94	12,54	0,76	0,12	0,52
EAC 33	x EAC 26	30,20	0,60	5,15	2,56	1,50	4,56	3,36	2,10
EAC 33	x EAC 69	1,42	2,11	1,60	1,97	1,97	0,22	2,18	11,00
EAC 26	x EAC 33	3,76	3,19	1,73	2,56	2,33	5,73	1,85	0,39
EAC 26	x EAC 69	1,16	1,38	2,27	1,40	0,70	0,15	0,08	0,10
EAC 69	x EAC 43	8,21	1,91	1,04	1,88	3,44	3,73	2,08	11,46
EAC 69	x EAC 33	0,78	1,65	0,85	0,12	1,23	0,73	0,86	0,80
EAC 69	x EAC 26	1,70	1,83	2,60	1,40	2,02	1,07	1,41	1,70
Média		14,82	3,52	5,24	3,61	2,59	2,03	1,73	3,09

5. CONCLUSÕES

A herança da cor e forma da semente do amendoim são controlados por um número variável de genes e depende da constituição dos genitores. O estudo do controle genético para os caracteres de interesse agrônômico depende da ação gênica aditiva e da ação gênica não-aditiva, sendo que os efeitos não-aditivos são superiores, ao contrário do observado na maioria dos trabalhos.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blüchner, 1971. 381 p.
- ALAM, M. K.; NATH, U. K.; AZAD, M. A. K.; ALAM, M. A.; KHAN, A. A. Genetics of yield and related traits in groundnut using diallel analysis. **Bull. Inst. Trop. Agr.**, v. 36, p. 45-59, 2013.
- ARAÚJO, W. A. G.; SOBREIRA, G. F. Farelo de amendoim na alimentação de não ruminantes. **Revista Eletrônica Nutritime**, v. 5, n. 2, p. 546-557, 2008.
- ARRUDA, I. M.; CIRINO, V. M.; BURATTO, J. S.; FERREIRA, J. M. Crescimento e produtividade de cultivares e linhagens de amendoim submetidas a déficit hídrico. **Pesq. Agropec. Trop.**, v. 45, n. 2, p. 146-154, 2015.
- AZAD, Md. A. K.; SHAH-E-ALAM, Md.; HAMID, Md. A.; RAFII, M. Y.; MALEK, M. A. Combining Ability of Pod Yield and Related Traits of Groundnut (*Arachis hypogaea* L.) under Salinity Stress. **The Scientific World Journal**, v. 2014, p. 1-7, 2014.
- BALAJIAH, C.; REDDY, P. S.; REDDI, M. V. Genic analysis in groundnut: Inheritance studies on 18 morphological characters in crosses with Gujarat narrow leaf mutant. **Proc. Indian Acad. Sci.**, v. 85 B, n. 5, p. 340-350, 1977.
- BALARAJU, M.; KENCHANAGOUDAR, P. V. Genetic variability for yield and its component traits in interspecific derivatives of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **J. Farm Sci.**, v. 29, n. 2, p. 172-176, 2016.
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BALDONI, A. B.; TEIXEIRA, F. F.; DOS SANTOS, J. B. Controle genético de alguns caracteres relacionados à cor da semente de feijão no cruzamento Rosinha x Esal 693. **Acta Scientiarum**, v. 24, n. 5, p. 1427-1431, 2002.
- BOLONHEZI, D.; GODOY, I. J.; SANTOS, R. C. Manejo cultural do amendoim. *In*: SANTOS, R. C.; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 2 ed. Brasília, DF: EMBRAPA, 2013. p. 187-237.
- BERTIOLI, D. J. *et al.* The genome sequences of *Arachis duranensis* and *Arachis ipaensis*, the diploid ancestors of cultivated peanut. **Nature Genetics**, v. 48, n. 4, p. 438-446, 2016.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa, MG: UFV, 2017. 543 p.
- BULGARELLI, Elisângela Maria Bernal. **Caracterização de variedades de amendoim cultivadas em diferentes populações**. 2008. 61 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia,

Genética e Melhoramento de Plantas) - Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2008.

CÂMARA, G. M. S. **Estudo da planta de amendoim**. USP/ESALQ – LPV-506: Plantas Oleaginosas – A Planta de Amendoim. (Apostila). 2016. 20 p. Disponível em: <http://www.esalq.usp.br/departamentos/lpv/sites/default/files/LPV%20506%20A02%20-%20Amendoim%20Apostila%20Estudo%20da%20Planta.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2018.

CASTRO, S. F. A. O.; SILVEIRA, M. V.; BERNARDO, A. K.; SILVA, A. F.; OLIVEIRA, L. M. C.; LUZ, L. N. Estimativa de diversidade genética via descritores morfológicos em acessos de amendoim. In: III Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, n. 2., 2017, Aracajú. **Anais...** Aracajú: SBRG, 2017. p. 180. Disponível em: https://issuu.com/recursosgeneticos/docs/revista_rg_news_vol.3_n.2_2017. Acesso em: 16 fev. 2018.

CONAGIN, C. H. T. M. Morfologia da flor e formação do fruto no amendoim cultivado (*Arachis hypogaea*, L.). **Bragantia**, v. 14, n. 24, p. 259-266, 1955.

CONAGIN, C. H. T. M.; CONAGIN, A. Eficiência reprodutiva no amendoim cultivado (*Arachis hypogaea* L.). **Bragantia**, v.19, n. 65, p. 1080-1104, 1960.

CONAB — **Companhia Nacional de Abastecimento**. Acompanhamento da Safra Brasileira-Grãos, Safra 2017/2018, quinto levantamento, v. 5, n. 5. 2018. 142 p. Disponível em: https://www.conab.gov.br/index.php/info-agro/safra/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/12569_5b3e0e675171f49a5b1e9215edc1064a. Acesso em: 01 mar. 2018.

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

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4 ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014.

DEWANGAN, H.; JAISWAL, N. K.; LAL, G. M.; RAI, P. K. Study on Genetic Variability Groundnut (*Arachis hypogaea* L.) Germplasm. **International Journal of Agricultural**, v. 5, p. 19-22, 2015.

DWIVEDI, S. L.; THENDAPANI, K.; NIGAM, S. N. Heterosis and combining ability studies and relationship among fruit and seed characters in peanut. **Peanut Science**, v. 16, p. 14-20, 1989.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2^a ed. Viçosa, MG: UFV, 1987, 279p.

FAO. **FAOSTAT** – FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS STATISTICS. Disponível em: <http://faostat.fao.org/>. Acesso em: 11 fev. 2018.

FÁVERO, Alessandra Pereira. **Cruzabilidade entre espécies silvestres de *Arachis* visando à introgressão de genes de resistência a doenças no amendoim cultivado**. 2004. 182 p. Tese (Doutorado em Agronomia, Genética e Melhoramento de Plantas) - Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

FÁVERO, A. P.; SIMPSON, C. E.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Study of the Evolution of Cultivated Peanut through Crossability Studies among *Arachis ipaensis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, v. 46, p. 1546-1551, 2006.

FERNÁNDEZ, A.; KRAPOVICKAS, A. Cromosomas y evolucion en *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, v. 8, n. 1-4, p. 187-220, 1994.

FREITAS, F. O.; PENÃOLOZA, A. P. S.; VALLS, J. F. M. **O amendoim contador de história**. Brasília: DF, Embrapa, 2003. 12 p.

GIBORI, A.; HILLEL, J.; CAHANER, A.; ASHRI, A. A 9 x 9 Diallel Analysis in Peanuts (*A. hypogaea* L.): Flowering Time, Tops Weight, Pod Yield per Plant and Pod Weight. **Theor. Appl. Genet.**, v. 53, p. 169-179, 1978.

HAMMONS, R. O. White testa inheritance in the peanut. **Journal Here.**, v. 54, p. 139-142, 1963.

HAMMONS, R. O. Inheritance of inflorescences in main stem leafaxils in *Arachis hypogaea* L. **Crop Sci.**, v. 11, p. 570-571, 1971.

HAMMONS, R. O. Genetics of *Arachis hypogaea*. In: HAMMONS, R. O. **Peanuts culture and uses**. Stillwater: American Peanut Research and Education Association. p. 135-173, 1973.

HAMMONS, R. O.; BRANCH, W. D.; BROMFIELD, K. R.; SUBBRAHMANYAM, P.; RAO, V. R.; NIGAM, S. N.; GIBBONS, R. W. Registration of Tifrust – 14 peanut germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 22, p. 697-698, 1982.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v. 39, n. 04, p. 789-809, 1954.

HARIPRASANNA, K.; CHUNI, L.; RADHAKRISHNAN, T.; GOR, H. K.; CHIKANI, B. M. Analysis of diallel cross for some physical-quality traits in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Euphytica**, v. 160, p. 49-57, 2008.

HIGGINS, B. B. Inheritance of seed-coat color in peanuts. **Journal Agri. Res.**, v. 61, p. 745-752, 1940.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; MARTINS, A. L. M.; J. C. V. N. A. PEREIRA.; R. F. de A. VEIGA, Avaliação do potencial agrônômico de introduções de amendoim com vistas ao melhoramento genético. **Bragantia**, v. 49, n. 1, p. 127-140, 1990.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; TURATTI, J. M.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; MARTINS, A. L. M.; PAULO, E. M. **IAC-CAIAPÓ: novo cultivar de amendoim**. Campinas: Instituto Agrônômico, 1996. 4 p.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; SIQUEIRA, W. J.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; MARTINS, A. L. M.; PAULO, E. M. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade de cultivares de amendoim em três níveis de controle de doenças foliares. **Pesq. agropec. bras.**, v.34, n.7, p. 1183-1191, 1999.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; ZANOTTO, M. D.; SANTOS, R. C. Melhoramento do Amendoim. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 55-102.

GREGORY, W. C.; KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, M. P. Structure, variation, evolution and classification in *Arachis*. In: Summerfield, R. J.; Bunting, A. H. (Ed.). **Advances in Legume Sciences**. London: Royal Botanical Garden, Kew. 1980. P. 469-481.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 462-93, 1956.

GUPTA, R. P.; VACHHANI, J. H.; KACHHADIA, V. H.; VADDORIA, M. A.; BARAD, H. R. Correlation and path analysis in Virginia groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 6, n. 1, p. 248-252, 2015.

HAMPANNAVAR, M. R.; KHAN, H.; TEMBURNE, B. V.; JANILA, P. AMAREGOUDA, A. Genetic variability, correlation and path analysis studies for yield and yield attributes in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v. 7, n. 1, 870-874, 2018.

HEID, D. M.; ZÁRATE, N. A. H.; OHLAND, R. A. A.; TORALES, E. P.; MORENO, L. B.; VIEIRA, M. C. Produtividade agrônômica de genótipos de amendoim Virginia cultivados com diferentes espaçamentos entre fileiras no canteiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 105-113, 2016.

IBPGR; ICRISAT. **Descriptors for groundnut**. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy; International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, India. 1992.

IPECE - **Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará**. Perfil Básico Municipal 2016 Redenção. Fortaleza: IPECE, 2016.

JAIN, S.; SINGH, P. B.; P. P. SHARMA, P. P. Correlation and path analysis in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **International Journal of Current Research**, v. 8, p. 35811-35813, 2016.

JANINI, J. C.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Avaliação de espécies silvestres e cultivares de amendoim para resistência a *Enneothrips flavens* Moulton. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 891-898, 2010.

JOHN, K.; REDDY, P. R.; REDDY, P. H.; SUDHAKAR, P; REDDY, N. P. E. Character association and path coefficient analysis for yield, yield attributes and water use efficiency traits in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) - A review. **Agri. Review**, v. 36, n. 4, p. 277-286, 2015.

JUDD, W.S.; CAMPBELL, C.S.; KELLOGG, E.A.; STEVENS, P.F.; DONOGHUE, M. J. **Sistemática Vegetal: Um Enfoque Filogenético**. 3. ed. Porto Alegre, RS: Artmed, 2009. 612 p.

JULIÃO, A. K. S.; BARROS, L. P.; SILVEIRA, M. V.; CASTRO, S. F. A. O.; SILVA, C. E. D.; LUZ, L. N. Estimativa de diversidade genética via descritores agronômicos em acessos de amendoim. In: III Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, n. 2., 2017, Aracaju. **Anais...** Aracaju: SBRG, 2017. p. 198. Disponível em: https://issuu.com/recursosgeneticos/docs/revista_rg_news_vol.3_n.2_2017. Acesso em: 16 fev. 2018.

KNAUFT, D. A.; WYNNE, J. C. Peanut breeding and genetics. **Advances in Agronomy**, New York, v. 55, p. 393-445. 1995.

KÖPPEN, W. **Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra**. México: Fondo de Cultura Económica, 1918. 478 p.

KORAT, V. P.; PITHIA, M. S.; SAVALIYA, J. J.; PANSURIYA, A. G.; SODAVADIYA, P.R. Studies on genetic variability in different genotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Legume Res.**, v. 32, n. 3, p. 224-226, 2009.

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

LINNAEUS, C. **Species Plantarum**. v.2, 1753.

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; SILVA FILHO, J. L.; 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.

MACÊDO, M. H. G. Amendoim. 2007. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/83e31b69fc4c1f45a1cee5eb53797f41..pdf>. Acesso em 11 fev.2018

MACHADO, I. P.; SILVA, F. H. O.; MATOS, R. F.; SILVA, T. P.; DO VALE, J. C. Concordance between botanical groups and genetic diversity in Peanut. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 4, p. 663-673, 2017.

NIGAM, S. N.; RAO, M. J. V.; GIBBONS, R. W. **Artificial hybridization in groundnut**. Patancheru: International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, 1990. 24 p. (Information Bulletin, 29).

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.; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 2 ed. Brasília, DF: EMBRAPA, 2013. p. 73-122.

OLIVEIRA, E. J.; GODOY, I. J.; MORAES, A. R. A.; MARTINS, A. L. M.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; BORTOLETTO, N.; KASAI, F. S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de amendoim de porte rasteiro. **Pesq. agropec. bras.**, v. 41, n. 8, p. 1253-1260, 2006.

OLIVEIRA, M. L.; BARROS, L. P.; LIMA, A. K. B.; LUZ, L. N. Seleção de acessos de amendoim via descritores agronômicos. In: III Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, n. 2., 2017, Aracajú. **Anais...** Aracajú: SBRG, 2017. p. 232. Disponível em: https://issuu.com/recursosgeneticos/docs/revista_rg_news_vol.3_n.2_2017. Acesso em: 16 fev. 2018.

PATEL, J. S.; JOHN, C. M.; SESHADRI, C. R. The inheritance of characters in the groundnut *Arachis hypogaea*. **Proc. Indian Acad.Scl.**, v. 3, n. 8, p. 214-233, 1936.

PATIL, A. S.; PUNEWAR, A. A.; NANDANWAR, H. R.; SHAH, K. P. Estimation of variability parameters for yield and its component traits in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **The Bioscan**, v. 9, n. 2, p. 749-754, 2014.

PRASAD, M. V. R.; MAMEDE, F. B. F.; SILVA, F. P. DA. MUTATIONAL IMPROVEMENT OF PEANUT. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 439-445, 1985.

QUEIROGA, V. DE P.; ALMEIDA, F. DE A. C.; GIRÃO, E. G.; FIGUEIREDO NETO, A.; ALBUQUERQUE, E. M. B. Geração de tecnologia. In: QUEIROGA, V. de P., F. de A. C.; GIRÃO, E. G.; FIGUEIREDO NETO, A.; ALBUQUERQUE, E. M. B. (Org.). **Amendoim orgânico: Tecnologia de produção para o Nordeste brasileiro**. 1 ed. Fortaleza, CE: AREPB, 2018. p. 11-34.

RAMALHO, M.A.P.R.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA, J.C. **Genética na agropecuária**. 5 ed. Lavras, MG: UFLA, 2012. 566 p.

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. (Edi.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina/Brasília: Embrapa Semi-Árido/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999.24 p.

SANTOS, R. C.; FARIAS, F. J. C.; MOREIRA, J. A. N.; MELO FILHO, P. A. Teste de hibridação artificial no amendoim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 6, p. 923-927, 1994.

SANTOS, R. C.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P. Melhoramento do amendoim e cultivares comerciais. In: SANTOS, R. C.; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. I. N. (Ed.). **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 2 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013. p. 115-184.

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

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

SANTOS, R. F.; TODESCHINI, A.; ROSA, H. A.; CHAVES, L. I.; BASSEGIO, D.; VELOSO, G. Evolução e perspectiva da cultura do amendoim para biocombustível no Brasil. **Acta Iguazu**, v. 1, n. 2, p. 20-35, 2012a.

SANTOS, R. C.; 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, 2012b.

SILVA, Gabriela Santos. **Contribuição a Taxonomia do gênero *Arachis* - Secção *Arachis* a luz do estudo de espécies e híbridos interespecíficos**. 2008. 114 p. Dissertação (Mestrado em Botânica) – Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade de Brasília, Brasília, 2008.

SILVA, Andréa Barros. **Cruzamentos dialélicos para caracteres agronômicos na cultura de feijão-de-vagem**. 2013. 54 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos Dos Goytacazes, 2013.

SILVEIRA, M. V.; OLIVEIRA, L. M. C.; OLIVEIRA, M. L.; JULIÃO, A. K. S.; BARROS, L. P.; LUZ, L. N. Estimativa de parâmetros genéticos em um banco de germoplasma de amendoim. In: III Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, n. 2., 2017, Aracajú. **Anais...** Aracajú: SBRG, 2017. p. 199. Disponível em: https://issuu.com/recursosgeneticos/docs/revista_rg_news_vol.3_n.2_2017. Acesso em: 16 fev. 2018.

SMITH, B.W. *Arachis hypogaea*: serial flower and subterranean fruit. **American Journal of Botany**, v.37, p. 802-815, 1950.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. Generals vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal America Society Agronomy**, v.34, p. 923-932, 1942.

USMAN, A.; AHMED, H.; SAMI, R. A.; USMAN, M.; YAHAYA, A. I. Genetic variability, heritability and genetic advance in F₈ advanced breeding lines of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Gashua Journal of Irrigation and Desertification Studies**, v. 1. p. 110-122, 2015.

VALLS, J. F. M. Recursos genéticos de *Arachis*: Avanços no conhecimento botânico e a situação atual de conservação e uso. **Agrociência**, v. 9, n. 1, p. 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**. 2 ed. Brasília, DF: EMBRAPA, 2013. p. 45-70.

VEIGA, R. F. A; QUEIROZ-VOLTAN, R. B.; VALLS, J. F. M.; FÁVERO, A. P.; BARBOSA, W. Caracterização morfológica de acessos de germoplasma de quatro espécies brasileiras de Amendoim Silvestre. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 167-176, 2001.
VENUPRASAD, R.; ARUNA, R.; NIGAM, S. N. Inheritance of traits associated with seed size in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Euphytica**, v. 181, p. 169–177, 2011.

VIANA, J. M. S.; MATTA, F. P. Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parentes. **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, n. 4, p. 465-471, 2003.

WADIKAR, P. B.; DAKE, A. D.; CHAVAN, M. V.; THORAT, G. S. Character association and variability studies of yield and its attributing character in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Special Issue-6, p. 924-929, 2018.

WYNNE, J. C.; COFFELT, T. A. Genetics of *Arachis hypogaea* L. *In*: Pattee, H. E.; Young, C. T. (Edi.). **Peanut science and technology**. Yoakum: American Peanut Research and Education Society, 1982. p. 139-163.

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

WYNNE, J. C.; HAIWARD, T.; KNAUFT, D. A. Cytogenetics and Genetics of *Arachis*. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 8, n. 3, p. 189-220, 1989.

WYNNE, J. C.; RAWLINGS, J. O.; EMERY, D. A. Combining ability estimates in *Arachis hypogaea* L. F₂ generation of intra- and intersubspecific crosses. **Peanut Science**, v. 2, p. 50-54, 1975.