



UEPB

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
CAMPUS II
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E AMBIENTAIS
DEPARTAMENTO AGROECOLOGIA E AGROPECUÁRIA
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE AMENDOIM ORIUNDAS DE
RETROCRUZAMENTOS ENTRE CULTIVAR COMERCIAL E ANFIDIPLOIDE
SINTÉTICO**

**LAGOA SECA
2023**

JEAN PIERRE CORDIEIRO RAMOS

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE AMENDOIM ORIUNDAS DE
RETROCRUZAMENTOS ENTRE CULTIVAR COMERCIAL E ANFIDIPOIDE
SINTÉTICO**

Seleção de progênies de amendoim oriundas de retrocruzamentos entre cultivar comercial e anfidiplóide sintético

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Coordenação do Curso de Bacharelado em Agronomia da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel em Agronomia.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

Orientador: Prof. Dr. Leandro Oliveira de Andrade.

Coorientadora: Prof. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos.

**LAGOA SECA
2023**

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

R175s Ramos, Jean Pierre Cordeiro.
Seleção de progênies de amendoim oriundas de retrocruzamentos entre cultivar comercial e anfidiplóide sintético [manuscrito] / Jean Pierre Cordeiro Ramos. - 2023.
27 p. : il. colorido.

Digitado.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) - Universidade Estadual da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, 2023.

"Orientação : Prof. Dr. Leandro Oliveira de Andrade, Coordenação do Curso de Agroecologia - CCAA. "

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

1. *Arachis hypogaea* L. 2. Melhoramento genético. 3. Procedimentos de seleção. 4. Amendoim. I. Título

21. ed. CDD 630

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE AMENDOIM ORIUNDAS DE
RETROCRUZAMENTOS ENTRE CULTIVAR COMERCIAL E ANFIDIPLÓIDE
SINTÉTICO

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Coordenação do Curso de Bacharelado em Agronomia da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel em Agronomia.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

Aprovada em: 01/12/2023.

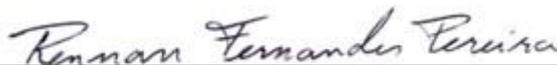
BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Leandro Oliveira de Andrade (Orientador)
(Orientador)
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)



Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)



Dr. Rennan Fernandes Pereira
FAPED/Embrapa Algodão

Ao meu pai e minha mãe, força do meu ser, DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Ao professor Leandro, coordenadora do curso de graduação, por seu empenho.

Ao professor Chico “hare” por toda sua dedicação em ajudar seus eternos alunos.

À professora doutora Roseane, por sua orientação e carinho.

Ao meu pai João Batista, por sua parceria, compreensão e apoio.

A minha mãe pelo carinho, apoio e amor materno.

Aos professores do Curso de graduação da UEPB, que contribuíram ao longo desse período, por meio das disciplinas e ensinamentos, para o desenvolvimento desta pesquisa.

Aos funcionários da UEPB e da Embrapa Algodão, pela presteza e atendimento quando nos foi necessário.

À sistema Embrapa, por toda a infraestrutura disponibilizada para execução dessa pesquisa.

Aos colegas de classe pelos momentos de amizade e apoio.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Análise de comparação de média das treze famílias mais BR1 avaliadas para as variáveis: início do florescimento (IF), comprimento da haste principal (CHP), número de vagens/planta (V/P), comprimento da vagem (CV), número de sementes/planta (NS), massa de 100 sementes (M100S) e massa de 100 vagens (M100V); médias com mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Scott-Knott, ($p \leq 0,05$); Famílias de amendoim: 42- RC42; 48- RC48; 51- RC51; 53- RC53; 62- RC62; 70- RC70; 74- RC74; 78- RC78; 79- RC79; 82- RC82; 87- RC87; 89- RC89; 96- RC96..... 14
- Figura 2 – Dispersão gráfica das 13 famílias e BR1 em relação às três primeiras variáveis canônicas..... 18

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Análise de variância e parâmetros genéticos e ambientais dos 14 genótipos avaliados.....	11
Tabela 2 – Análise de correlação de Pearson entre os sete caracteres estudados.....	15
Tabela 3 – Seleção dos 4 indivíduos superiores por meio do Índice Clássico - Smith (1936) e Hazel (1943).....	16
Tabela 4 – Estimativas dos autovalores obtidos na análise de variáveis canônicas para os 7 caracteres avaliado.....	16
Tabela 5 – Estimativas das variâncias relativas e em porcentagem dos 7 caracteres avaliados por meio da análise de variáveis canônicas.....	19

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	8
2	METODOLOGIA	9
2.1	Recursos Genéticos	9
2.2	Condução Experimental	9
2.3	Análise Estatística	10
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	11
4	CONCLUSÕES	20
5	REFERÊNCIAS	21

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE AMENDOIM ORIUNDAS DE RETROCRUZAMENTOS ENTRE CULTIVAR COMERCIAL E ANFIDIPLÓIDE SINTÉTICO

RESUMO

O amendoim cultivado é uma oleaginosa de grande importância mundial, e destaca-se por seu potencial de cultivo em países como China, Índia, Nigéria e Estados Unidos. O sucesso do cultivo de espécies vegetais está diretamente relacionado ao contínuo processo de melhoramento genético, propiciando aumento no rendimento das culturas assim como em sua adaptação a estresses bióticos e abióticos. O objetivo deste estudo foi caracterizar e selecionar famílias F4 provenientes do retrocruzamento entre BR1 e anfidiplóide sintético, que possibilitem explorar a variabilidade genética disponível e otimizar o potencial de ganhos em gerações futuras. Para tanto, foram cultivadas 5 plantas de cada uma das 13 famílias em casa de vegetação, utilizando vasos de 35 L. O cultivar BR1, foi cultivado devido à sua condição de pai recorrente e à manifestação de características já consolidadas para as condições semiáridas. Aos 25 dias após a emergência (DAE), os materiais foram submetidos a um regime de supressão hídrica ao longo de 21 dias, seguido de reidratação até o término do ciclo. Foram avaliadas as seguintes características, início do florescimento (IF), o comprimento da haste principal (CHP), o número de vagens por planta (V/P), o comprimento da vagem (CV), o número de sementes por planta (NS), a massa de 100 sementes (M100S) e a massa de 100 vagens (M100V). Foi constatada existência de variabilidade entre os materiais estudados, com altos níveis de significância para a grande maioria das variáveis. A família RC53 destacou-se significativamente entre as famílias estudadas, posicionando-se logo atrás da BR1, para as variáveis NVP, CV, NS e M100S. Para M100V, a família RC79 destacou-se superando os valores obtidos pela BR1, o que sugere uma transgressão positiva para essa variável. A seleção das famílias RC79, BR1, RC53 e RC62 proporcionou estimativas de acréscimo de 12,49% para V/P, 11,99 para NS e 7,62% em M100S.

Palavras-Chave: *Arachis hypogaea* L.; melhoramento genético; procedimentos de seleção.

ABSTRACT

Cultivated peanuts are an oilseed crop of great global importance, and stand out for their cultivation potential in countries such as China, India, Nigeria and the United States. The success of cultivating plant species is directly related to the continuous process of genetic improvement, providing an increase in crop yields as well as their adaptation to biotic and abiotic stresses. The objective of this study is to identify and select F4 families resulting from the backcross between BR1 and synthetic amphidiploid, which make it possible to explore the available genetic variability and optimize the potential for gains in future generations. To this end, 5 plants from each of the 13 families were cultivated in a greenhouse, using 35 L pots. The BR1 cultivar was cultivated due to its condition as a recurrent parent and the manifestation of characteristics already consolidated for the predominant conditions. At 25 days after emergence (DAE), the materials were subjected to a water suppression regime for 21 days, followed by rehydration until the end of the cycle. The following characteristics were evaluated, flowering onset (IF), main stem length (CHP), number of pods per plant (V/P), pod length (CV), number of seeds per plant (NS), the mass of 100 seeds (M100S) and the mass of 100 pods (M100V). Variability was found between the materials studied, with high levels of significance for the vast majority of variables. The RC53 family stood out significantly among the families studied, positioning itself just behind BR1, for the variables NVP, CV, NS and M100S. For M100V, the RC79 family stood out, surpassing the values obtained by BR1, which suggests a positive transgression for this variable. The selection of families RC79, BR1, RC53 and RC62 provided estimates of an increase of 12.49% for V/P, 11.99 for NS and 7.62% in M100S.

Keywords: *Arachis hypogaea* L.; genetical enhancement; selection procedures.

1. INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) destaca-se como uma oleaginosa de relevância econômica mundial, sendo a quarta mais cultivada (USDA, 2023a). Os principais produtores incluindo China, Índia, Nigéria e Estados Unidos, desempenham um papel fundamental no estímulo à produção de amendoim (USDA, 2023b), Originária da América do Sul, esta dicotiledônea pertence à família Fabaceae, subfamília Faboideae, gênero *Arachis*, seção *Axonomorphae*, série *Amphiploides* (Nogueira et al., 2013). Com 81 espécies no gênero, *A. hypogaea* destaca-se economicamente, dividindo-se em duas subespécies cultivadas, *A. hypogaea* subs. *hypogaea* e *A. hypogaea* subs. *fastigiata*, com características distintas (Valls et al., 2013).

Apesar da divisão em subespécies, a base genética do amendoim cultivado é estreita, devido à falta de fluxo gênico entre espécies do mesmo gênero, decorrente da diferenciação na ploidia e inviabilidade de pareamento cromossômico.

A criação de anfidiplóides sintéticos, resultantes do cruzamento de espécies diploides silvestres e duplicação do número básico de cromossômicos, destaca-se como estratégia eficaz na introgressão de genes exógenos (Faye et al., 2016).

A evolução contínua do processo de melhoramento do amendoim, caracterizado pela seleção direcionada a atributos de significância econômica, tem contribuído para a diminuição da variabilidade genética. Este fenômeno resultou na estreita relação genômica observada entre os principais cultivares modernos (Liu et al., 2022).

O sucesso do programa de melhoramento vegetal está intrinsecamente ligado à variabilidade genética e à utilização eficiente de ferramentas estatísticas. Além dos valores médios, é crucial avaliar componentes de variância, considerando fatores como a influência ambiental e genética. Estimar parâmetros genéticos não apenas identifica a natureza da ação dos genes na expressão dos caracteres estudados, como também serve de indicador de sucesso na seleção (Resende, 2015).

Este estudo teve como objetivo a caracterização e seleção de famílias F4 originárias do retrocruzamento entre BR1 e anfidiplóide sintético, visando explorar a variabilidade genética disponível e maximizar o potencial de ganhos em gerações futuras.

2. METODOLOGIA

2.1. Recursos Genéticos

Acessos selvagens do Banco de Germoplasma *Arachis*, da EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia foram cruzados para gerar o alotetraploide (*A. batizocoi* K9484 x *A. duranensis* SeSn 2848)^{4x} (Leal-Bertioli et al., 2015). Em seguida, o alotetraplóide foi cruzado e retrocruzado com BR 1, cultivar de amendoim da Embrapa desenvolvida para as condições de clima semiárido (Gomes et al., 2007; Pereira et al., 2016).

Após a autofecundação de RC₁F₁, 208 sementes (RC₁F₂) foram semeadas e plantadas em casa de vegetação (Recife, 8°03'14"S 34°52'51"W, 7m), em vasos de 20 L. Aos 25 dias após a emergência (DAE), as plantas foram submetidas à supressão hídrica durante 15 dias e depois reidratadas até o final do ciclo. Na colheita foram selecionadas 13 progênies, com base no índice de colheita (IC ≥ 35%) e índice de tolerância à seca (ITS ≥ 0,7). O IC e o ITS foram estimados segundo Painawadee et al. (2009) e Nautiyal et al. (2002), respectivamente. Cada progênie originou uma família, representada por 10 sementes (BC₁F₃), que foram cultivadas em campo (Campina Grande, PB, 7°13'50" S, 35°52'52" W, 551 m, clima semiárido), no final do período chuvoso. As plantas foram semeadas em fileiras de 3 m, espaçadas de 70 x 20 cm, e submetidas a 21 dias de supressão hídrica (aos 25). A partir daí, a irrigação foi restabelecida, mantendo irrigação equivalente a 400 mm durante o ciclo (Assunção e Escobed, 2009).

2.2. Condução Experimental

Para presente trabalho foram cultivadas, em casa de vegetação, 5 plantas de cada uma das 13 famílias, em vasos de 35 L, contendo solo franco-arenoso previamente adubado de acordo com as recomendações da análise de solo. O cultivar BR1 foi utilizado como testador dos materiais segregantes, visto o fato de ser o pai recorrente, e apresentar caracteres já estabelecidos para as condições preponderantes. Aos 25 DAE os materiais foram submetidos à supressão hídrica, durante o período de 21 dias, sendo reidratadas até o final do ciclo. O desenho experimental adotado foi o Inteiramente Casualizado com 5 repetições e 14 genótipos.

Foram avaliadas as seguintes características: início do florescimento (IF), comprimento da haste principal (CHP), número de vagens/planta (V/P), comprimento da vagem (CV), número de sementes/planta (NS), massa de 100 sementes (M100S) e massa de 100 vagens (M100V).

2.3. Análise Estatística

Os dados foram previamente submetidos ao teste de normalidade de Lilliefors, e após constatada a distribuição normal dos mesmos, procedeu-se a análise de variância pelo teste F ($p \leq 0,05$). Testes a posteriori foram realizados por meio do teste de média de Scott-Knott a 5%, análise de correlação entre caracteres, análise de Variáveis Canônicas e Índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943). Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do software GENES, versão 1990.2023.45 (Cruz, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir da análise de variância pôde-se constatar a existência de variabilidade entre os materiais estudados, com altos níveis de significância ($p \leq 0.01$) para a grande maioria das variáveis, com exceção apenas de comprimento de vagens (CV) que foi significativo apenas a 5%. Esse resultado é indicativo de que existe a possibilidade de progressão genética ao selecionar materiais com médias superiores. A esse fato, acrescenta-se valores altos de Coeficiente de determinação genotípico (maior que 50%), garantindo que a variabilidade presente nos materiais estudados é de natureza genética. Caracteres quantitativos, por serem controlados por múltiplos genes, apresentam grande influência do ambiente, e parâmetros como a herdabilidade e a relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e) são estimadores da viabilidade na obtenção de ganhos genéticos ao praticar seleção. Para a relação CV_g/CV_e quanto mais próximo ao valor unitário maior é a possibilidade de obtenção ganhos, assim sendo, de forma geral os valores obtidos são indicativos de progresso genético (Tabela 1).

Tabela 1: Análise de variância e parâmetros genéticos e ambientais dos 14 genótipos avaliados.

FV	GL	QM						
		IF	CHP	V/P	CV	NS	M100S	M100V
Genótipos	13	6,77**	53,27**	25,27**	17,81*	103,67**	89,95**	204,15**
Resíduo	56	1,18	8,69	5,79	8,51	24,36	16,76	34,14
Média		23,67	18,42	12,88	34,46	24,80	39,60	91,08
CV_e (%)		4,59	16,00	18,7	8,46	19,9	10,34	6,41
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS								
Variância fenotípica		1,35	10,65	5,05	3,56	20,73	17,99	40,83
Variância ambiental		0,23	1,74	1,16	1,70	4,87	3,35	6,83
Componente quadrático genotípico		1,12	8,91	3,89	1,86	15,86	14,64	34,00
Coeficiente de determinação genotípico (%)		82,53	83,68	77,06	52,21	76,51	81,36	83,28
CV_g (%)		4,46	16,21	15,32	3,95	16,05	9,66	6,40
CV_g/CV_e		0,97	1,01	0,82	0,47	0,81	0,93	0,99

**, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de F; CV_e (%): coeficiente de variação ambiental ou residual; CV_g (%): coeficiente de variação genético (%); CV_g/CV_e : razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual; IF: início de floração; CHP comprimento da haste principal; V/P: número de vagens por planta; CV: comprimento de vagens; NS: número de sementes por planta; M100S: massa de cem sementes; M100V: massa de cem vagens.

Ao comparar as médias dos diferentes caracteres analisados, destaca-se que o pai recorrente (BR1) exibiu as estimativas mais elevadas para a grande maioria das variáveis (Figura 1). Essa observação pode ser atribuída aos alelos oriundos dos pais selvagens, os quais naturalmente não possuem potencial agrônômico. Nos processos de retrocruzamento, a meta fundamental é enriquecer a plasticidade genética de um material já reconhecido por seu desempenho agrônômico. Para alcançar esse objetivo, são realizados ciclos sucessivos de retrocruzamento, visando recuperar o potencial agrônômico do pai recorrente, mas incorporando os alelos de interesse (Resende, 2015).

Liu et al. (2022) avaliaram 153 variedades locais e 50 cultivares melhoradas oriundas de 31 países, e identificaram um alto nível de relação genética entre os materiais melhorados. Essa forte associação indica uma intensa pressão de seleção voltada para os caracteres relacionados ao rendimento de vagens, culminando em uma representação significativamente maior do subgenoma B, aproximadamente 1,5 vezes superior ao subgenoma A. A introdução de alelos do genoma A por meio de cruzamento interespecífico, embora associada à redução na frequência alélica de características de rendimento como NS, V/P M100S e M100V, contribui para enriquecer a plasticidade genética do amendoim cultivado.

Michelotto et al. (2017) corroboram essas observações ao relatarem que, em relação aos caracteres de produção, os materiais anfidiplóides exibem uma menor responsividade quando comparados ao amendoim cultivado. Essas constatações ressaltam a complexidade das interações genéticas no melhoramento do amendoim e indicam a necessidade de estratégias refinadas para otimizar a expressão de características desejáveis.

Para o início de floração (IF), valores mais baixos são preferíveis, pois refletem uma estimativa de precocidade nos materiais. Isso se deve ao fato de que, em espécies de ciclo indeterminado, um IF mais precoce aumenta a probabilidade de enchimento de grãos e conclusão do ciclo. Isso é particularmente positivo em condições imprevisíveis, como períodos de estiagem, que são frequentes em regiões de clima semiárido, como no nordeste brasileiro (Santos et al., 2013).

Em relação ao comprimento da haste principal (CHP), a meta é alcançar médias que se situem de forma intermediária entre os valores extremos. Embora essa variável não demonstre correlações significativas com as variáveis de produção de vagens, observa-se uma correlação negativa, sugerindo que CHP pode exercer

uma influência adversa na produção (Mahmoud et al., 2020). Portanto, o equilíbrio nessa característica torna-se essencial para otimizar o desempenho da cultura. Isso ressalta a importância de abordagens de seleção que considerem não apenas características isoladas, mas também suas interações potenciais com outros fatores determinantes da produção de amendoim.

A família RC53 destacou-se significativamente entre as famílias estudadas, posicionando-se logo atrás da BR1, principalmente em relação a variáveis relativas à produção, como o número de vagens por planta (V/P), comprimento de vagens (CV), número de sementes por planta (NS) e massa de cem sementes (M100S). Esses resultados enfatizam o potencial promissor dessa família em contribuir para melhorias nos parâmetros de produção do amendoim.

No que diz respeito à massa de cem vagens (M100V), a família RC79 destacou-se superando os valores obtidos pela BR1, o que sugere uma transgressão positiva para essa variável. Quando analisamos esses resultados em conjunto com os valores de massa de cem sementes (M100S) e número de vagens por planta (V/P), surge o indicativo de que essa família apresenta uma combinação alélica favorável para características de grande importância econômica (Figura 1).

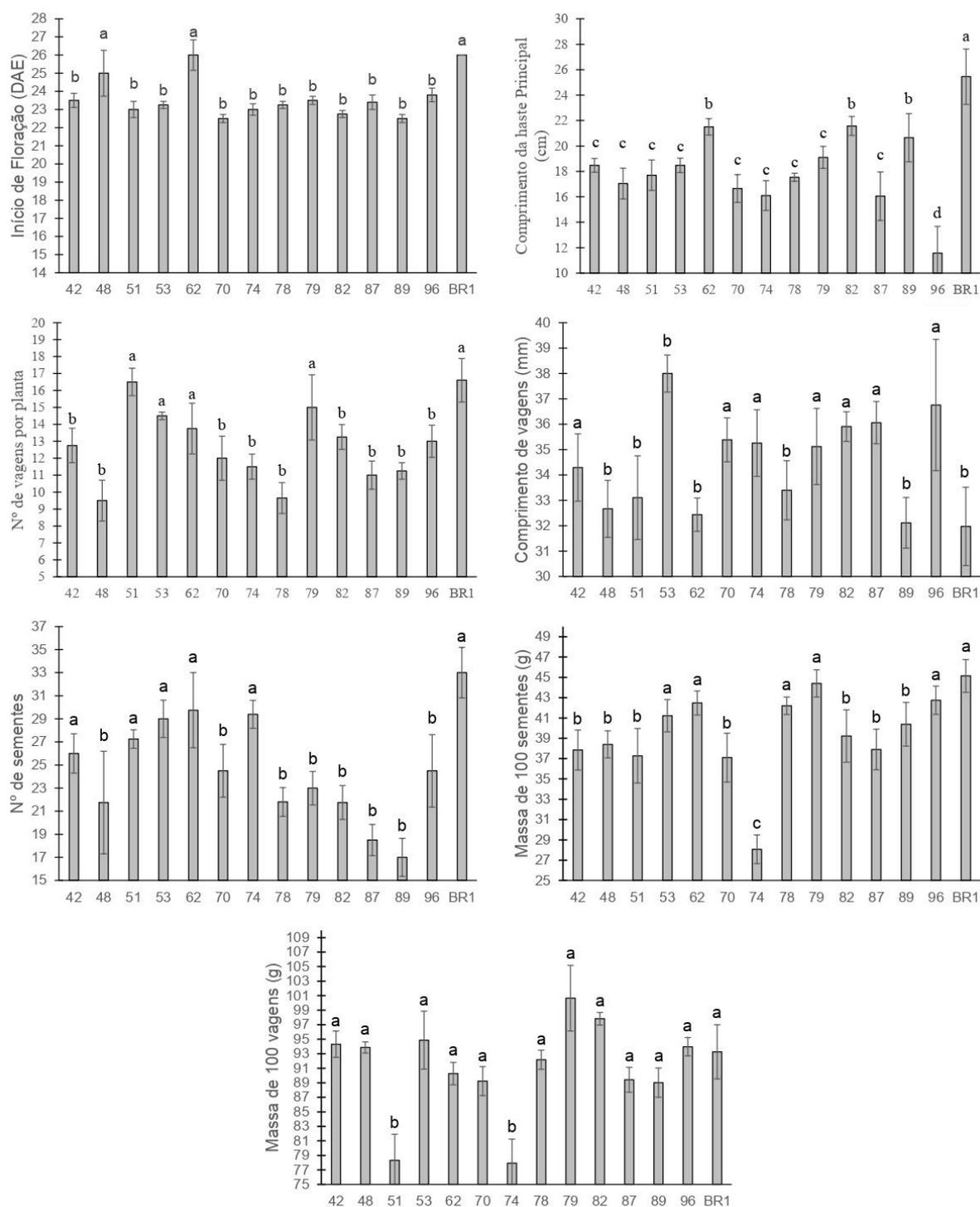


Figura 1. Análise de comparação de média das treze famílias mais BR1 avaliadas para as variáveis: início do florescimento (IF), comprimento da haste principal (CHP), número de vagens/planta (V/P), comprimento da vagem (CV), número de sementes/planta (NS), massa de 100 sementes (M100S) e massa de 100 vagens (M100V); médias com mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Scott-Knott, ($p \leq 0,05$); Famílias de amendoim: 42- RC42; 48- RC48; 51- RC51; 53- RC53; 62- RC62; 70- RC70; 74- RC74; 78- RC78; 79- RC79; 82- RC82; 87- RC87; 89- RC89; 96- RC96.

A seleção de materiais baseado em uma característica por vez, torna complexo o processo de identificação de indivíduos que apresentem valores promissores para a maioria dos caracteres estudados. Esse fato está relacionado pela presença de correlações negativas existente entre determinados caracteres, a exemplo do que foi obtido para os caracteres em estudo, onde o CHP apresentou correlação negativa e significativa com CV. Valores significativos também foram observados para V/P e NS, assim como para M100S e M100V (Tabela 2).

Tabela 2: Análise de correlação de Pearson entre os sete caracteres estudados.

	IF	CHP	V/P	CV	NS	M100S	M100V
IF	1	0.41	0.24	-0.47	0.51	0.44	0.20
CHP		1	0.43	-0.54*	0.29	0.37	0.22
V/P			1	0.01	0.63*	0.35	0.02
CV				1	-0.05	-0.17	0.21
NS					1	-0.01	-0.22
M100S						1	0.71**
M100V							1

** , * : significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de correlação de Pearson.

Para realização de uma seleção holística utilizou-se o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) que possibilita indicar de forma global quais as famílias que poderiam ser utilizadas para dar segmento ao programa de melhoramento dos materiais segregantes.

Dentre a 13 famílias avaliadas, selecionaram-se quatro para realização de intercruzamento e futura obtenção de um material estável que contenha suficiente representação alélica dos pais selvagens. Os quatro materiais selecionados foram a RC79, BR1, RC53 e RC62, sendo estimados ganhos expressivos para a maioria dos caracteres quando comparadas suas médias em relação à média da população original (Tabela 3).

Dentre os principais estimadores de progressão genética destaca-se um acréscimo de 12,49% no número de vagens por planta, 11,99% para número de sementes por planta, 7,62% em massa de 100 sementes (Tabela 3).

Esses resultados são promissores por indicar progresso genético e por representar duas famílias que apresentam relativa diversidade genética em relação

ao pai recorrente e por se mostrarem similares entre si, fazendo parte do grupo 5 na análise de diversidade genética (Figura 2).

Tabela 3: Seleção dos 4 indivíduos superiores por meio do Índice Clássico - Smith (1936) e Hazel (1943).

Variável	Xo	Xs	h ² (%)	GS	GS (%)
IF	23.496	24.688	82.532	0.8356	3.53
CHP	17.879	21.131	83.68	2.2691	12.32
V/P	12.588	14.963	77.063	1.6087	12.49
CV	34.655	34.384	52.21	-0.042	-0.12
NS	24.169	28.688	76.505	2.9741	11.99
M100S	39.173	43.31	81.363	3.0193	7.62
M100V	90.912	94.762	83.279	3.0659	3.37

Indivíduos selecionados: RC79, BR1, RC53 e RC62

Uma análise de variáveis canônicas foi realizada com o objetivo de estimar os níveis de diversidade genética entre as famílias estudadas e o BR1, assim como para indicar qual o percentual de importância de cada variável no estudo de diversidade.

Para a representação da diversidade dos materiais num plano cartesiano, foram necessárias três variáveis canônicas para representação em um plano tridimensional, capaz de expressar 85,62% da variação acumulada (Tabela 2).

Tabela 4: Estimativas dos autovalores obtidos na análise de variáveis canônicas para os 7 caracteres avaliados.

RAIZ*	RAIZ (%)	ACUMULADA (%)
4,43	49,61	49,61
2,19	24,53	74,14
1,02	11,47	85,62
0,77	8,67	94,29
0,28	3,15	97,44
0,15	1,71	99,15
0,08	0,85	100,00

*- autovalor associado às variáveis canônicas.

Foram obtidos 6 grupos de similaridade genética para as 13 famílias e o BR1, onde três famílias se mostraram isoladas (Grupo 1, 3 e 4) no plano tridimensional indicando relativa diferenciação delas em relação ao conjunto dos materiais.

O grupo 2, composto pelas famílias RC51, RC70 e RC87, representa materiais com médias baixas para IF e valores intermediários para CHP. Não se destacando para as demais variáveis. Para o grupo 5, que aglomerou quase 50% dos materiais, as médias para IF, M100S e M100V se mostraram promissoras para o objetivo do programa de melhoramento.

O BR1 e a família RC62 ficaram isoladas do restante dos materiais, perfazendo um grupo (grupo 6) com médias bastante similares para todas as variáveis estudadas, indicando ser a RC62 a família de maior proximidade genética do BR1, ou seja, a família que apresenta a maior porcentagem de alelos herdados do pai recorrente.

Em estudo com acessos selvagens diploides, autotetraploides e amendoim Runner em sistema de estresse hídrico, Leal-Bertioli et al. (2012) observaram a partir de uma análise de componentes principais que a distribuição dos materiais num plano bidimensional foi eficiente em separar os acessos diploides dos tetraploides e do Runner, mostrando que análises multivariadas de dispersão gráfica são capazes de agrupar materiais que apresentem similaridade genética.

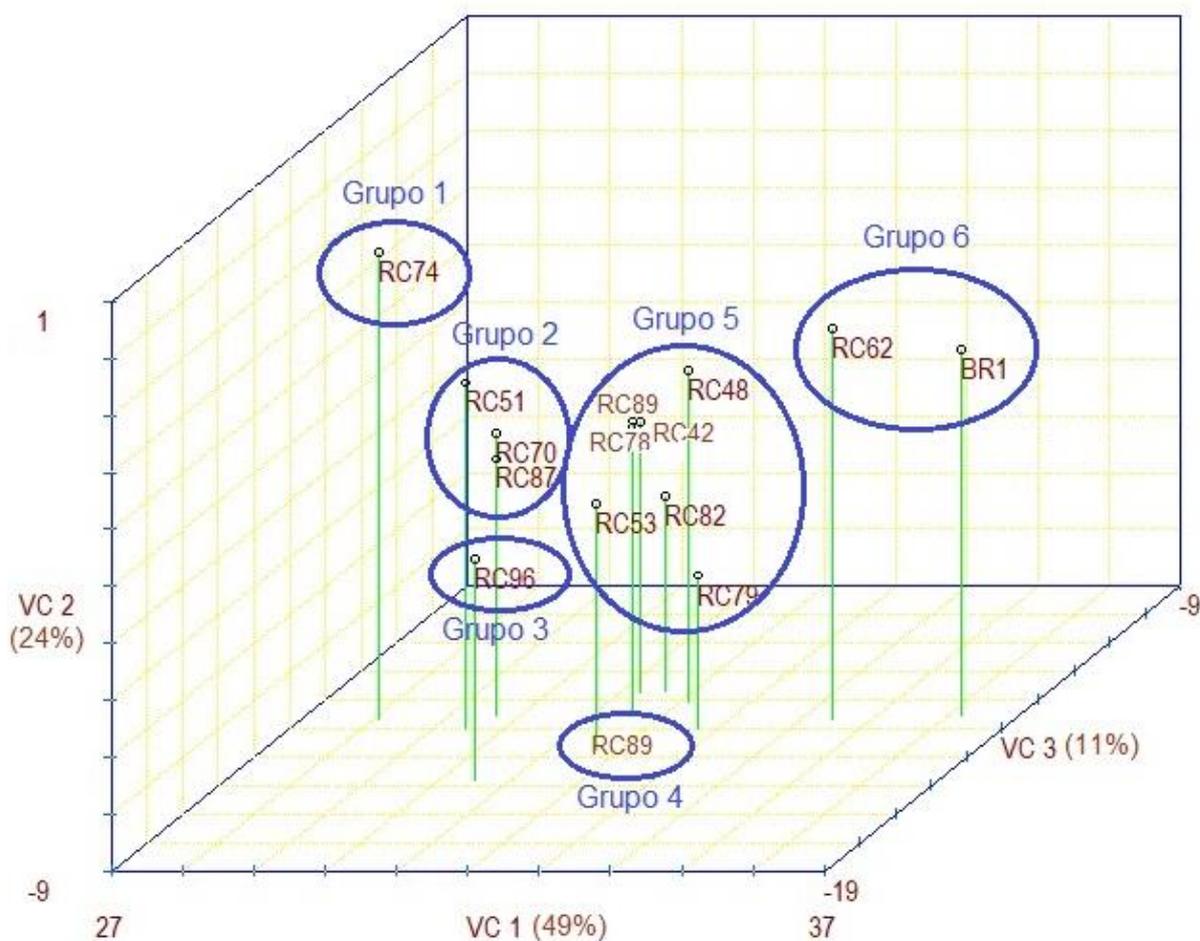


Figura 2. Dispersão gráfica das 13 famílias e BR1 em relação às três primeiras variáveis canônicas.

Em relação à porcentagem de cada variável no estudo da diversidade entre os materiais estudados IF, M100V e CHP foram as variáveis que mais influenciaram em termos gerais. Já CV foi a variável que menos influenciou em termos percentuais, sendo passível de descarte em trabalhos futuros, visto que o aumento do número de caracteres avaliados em um estudo acarreta dispêndio de tempo e recursos.

Tabela 5: Estimativas das variâncias relativas e em porcentagem dos 7 caracteres avaliados por meio da análise de variáveis canônicas.

VARIÁVEL	Variância	VALOR EM %
IF	320,00	19,69
CHP	287,83	17,72
V/P	140,38	8,64
CV	105,46	6,49
NS	224,89	13,84
M100S	239,66	14,75
M100V	306,20	18,85

IF- Início do florescimento; CHP- comprimento da haste principal; V/P- número de vagens/planta; CV- comprimento da vagem; NS- número de sementes/planta; M100S- massa de 100 sementes; M100V- massa de 100 vagens.

De acordo com os dados até então apontados, observa-se satisfatória diversidade entre os materiais estudados, destacando-se famílias com padrão fenotípico próximo ao BR1 como a RC62 e famílias com valores médios distantes para a maioria das variáveis como a RC51, RC70, RC74 e RC87.

4 CONCLUSÕES

- Existe diversidade genética entre as famílias anfidiplóides passível de ser explorada;
- Dentre as treze famílias oriundas do retrocruzamento entre BR1 e o anfidiplóide sintético, a RC62 é a que apresenta maior similaridade com o pai recorrente;
- Os genótipos RC79, BR1, RC53 e RC62 são os mais indicados para dar segmento ao programa de melhoramento com possibilidades de ganho genético expressivo.

5. REFERÊNCIAS

Assunção, H.F.; Escobedo, J.F. Estimativa da exigência hídrica do amendoim usando um modelo agrometeorológico. **Irriga**. v.14, p.325-335, 2009.

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

Faye, I.; Hodo-Abalo, T.; Ndoye, O.; Fonceka, D. **Dossier technique d'homologation de nouvelles variétés d'arachide**. Ed. ISRA, Senegal, 2016, 34p.

Gomes, L.R.; Santos, R.C.; Anunciação Filho, C.J.; Melo Filho, P.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de amendoim de porte ereto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.42, p.985-989, 2007.

Hazel, H.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.

Leal-Bertioli, S.C.M.; Bertioli, D.J.; Guimaraes, P.M.; Pereira, T.D.; Galhardo, I.; Silva, J.P.; Brasileiro, A.C.M.; Oliveira, R.S.; Silva, P.I.T.; Vadeze, V.; Araujo, A.C.G. The effect of tetraploidization of wild *Arachis* on leaf morphology and other drought-related traits. **Environmental and Experimental Botany**. v.84, p.17-24, 2012.

Leal-Bertioli, S.C.M.; Santos, S.P.; Dantas, K.M.; Inglis, P.W.; Nielen, S.; Araújo, A.C.G.; Silva, J.P.; Cavalcante, U.; Guimarães, P.M.; Brasileiro, A.C.M.; Carrasquilla-Garcia, N.; Penmetsa, R.V.; Cook, D.; Moretzsohn, M.C.; Bertioli, D.J. *Arachis batizocoi*: a study of its relationship to cultivated peanut (*A. hypogaea*) and its potential for introgression of wild genes into the peanut crop using induced allotetraploids. **Annals of Botany**. v.115, p.237-249, 2015.

Liu, Y.; Shao, L.; ZHOU, J.; Li, R.; Pandey, M.K.; Han, Y.; Cui, F.; Zhang, L.; Guo, F.; Chen, J.; Shan, S.; Fan, G.; Zhang, H.; Seim, I.; Liu, X.; Li, X.; Varshney, R.K.; Li, G.; Wan, S. Genomic insights into the genetic signatures of selection and seed trait

loci in cultivated peanut. **Journal of Advanced Research**. v.42, p.237-248, 2022.

Mahmoud, M.W.S.; Hussein, E.M.A.; Ashour, K.R. Sequential Path Analysis for Determining the Interrelationships between Yield and its Components in Peanut. **Egyptian Journal of Agronomy**. v. 42, pp.79-91, 2020.

Michelotto, M.D.; Godoy, I>J.; Pirotta, M.Z.; Santos, J.F.; Finoto, E.L.; Fávero, A.P. Resistance to thrips (*Enneothrips flavens*) in wild and amphidiploid *Arachis* species. **Plos One**. v.12, p.1-12, 2017.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

Nautiyal, P.C.; Nageswara-Rao, R.C.; Joshi, Y.C. Moisture-deficit-induced change in leaf water content, leaf carbon exchange rate and biomass production in groundnut cultivars differing in specific leaf area. **Field Crops Research**. v.74, p.67-79, 2002.

Painawadee, M.; Jogloy, S.; Kesmala, T.; Akkasaeng, C.; Patanothai, A. Identification of traits related to drought resistance in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Asian Journal of Plant Sciences**. v.8, p.120-128, 2009.

Pereira, J.W.L.; Albuquerque, M.B.; Melo Filho, B.A.; Nogueira, R.J.M.C.; Lima, I.m.; Santos, R.C. Assessment of drought tolerance of peanut cultivars based on physiological and yield traits in a semiarid environment. **Agricultural Water Management**, v.166, p.70–76, 2016.

Resende, M.D.V. **Genética Quantitativa e de Populações**. Viçosa-MG: Suprema, 2015, 463p.

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. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013, p.117-184.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936.

USDA. United States Department of Agriculture. Foreign Agricultural Service. **Oilseeds: World Markets and Trade**. November, 2023a. Acesso em: 21 de novembro de 2023. Disponível em: <https://fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade>.

USDA. United States Departamento f Agriculture. **World Agricultural Production**. Foreign Agricultural Service. April 2019b. Acesso em: 21 de novembro de 2023. Disponível em: <https://fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>.

Valls, J.F.M.; Costa, L.C.; Custódio, A.R. A novel trifoliolate species of *Arachis* (Fabaceae) and futher comments on the taxonomic section *Trirectoides*. **Bonplandia**, v.22, p.91-97, 2013.