



DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE AMENDOIM COM BASE EM DESCRITORES MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E FISIOLÓGICOS

Jean Pierre Cordeiro Ramos¹, Ciro Igor Torres Sizenando, Maria Aline Oliveira Freire, José Jaime Vasconcelos Cavalcanti, Liziane Maria de Lima, Roseane Cavalcanti dos Santos

1. Bacharel em Agroecologia (UEPB) e Mestrando em Ciências Agrárias (UEPB/EMBRAPA) - jean.jp31@gmail.com

RESUMO: Os programas de melhoramento do amendoim se baseiam na introdução ou geração de variabilidade genética e seleção de linhagens que apresentem descritores responsivos pelo desempenho das plantas nos aspectos nutricionais, fisiológicos e agronômicos. Técnicas de análise multivariada têm sido utilizadas para analisar a inter-relação entre tais descritores e indicar quais genótipos são mais promissores para serem inseridos nos programas. Neste contexto, objetivou-se, com este trabalho, identificar acessos promissores e divergentes de amendoim pertencentes à coleção de germoplasma da Embrapa Algodão, para serem, posteriormente, utilizados em programas de melhoramento desta oleaginosa. Dezenove acessos pertencentes à coleção de germoplasma da Embrapa Algodão foram cultivados na área experimental da Embrapa Algodão em Campina Grande-PB no segundo semestre de 2013. Os acessos pertencentes à subespécie *hypogaea* foram plantados em fileiras de 3 m no espaçamento de 0,70 m x 0,20 m, deixando-se duas plantas por cova. Foram avaliados 5 descritores morfológicos, 5 descritores agronômicos e 2 descritores fisiológicos. Os dados foram analisados utilizando-se do programa GENES versão 2013.5.1, para quantificar a diversidade genética existente entre os acessos pela técnica multivariada “multicategórica - classes” gerando uma matriz de dissimilaridade. Para o agrupamento dos acessos adotou-se o método aglomerativo UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), para geração do dendograma e visualização da diversidade existente entre os acessos. Foi constatada uma alta variabilidade entre os 19 acessos, os quais, a partir do ponto de corte no dendograma a uma dissimilaridade correspondente a 80%, observou-se a formação de três grupos. Conclui-se que os acessos da subespécie *hypogaea* da coleção de germoplasma da Embrapa Algodão apresenta alta variabilidade, sendo possível a indicação de genitores contrastantes que possam participar de cruzamentos para geração de genótipos superiores.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L., banco de germoplasma, similaridade genética.

Apoio: Capes.