

## TECNOLOGIAS EM GENÉTICA MOLECULAR PARA INTENSIFICAÇÃO DO USO DE AMENDOIM FORRAGEIRO EM PASTAGENS NA AMAZÔNIA

Jônatas Chagas de Oliveira<sup>1</sup> e Tatiana de Campos<sup>1,2</sup>

1. Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal (Rede Bionorte), Rio Branco, Acre, Brasil;
2. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), Programa de Pós-Graduação em Ciência, Inovação e Tecnologia para a Amazônia (PPG CITA), Rio Branco, Acre, Brasil.

### RESUMO

O setor agropecuário brasileiro tem apresentado crescente participação na economia, especialmente no mercado exportador mundial, onde a pecuária de corte tem destaque. O desafio é continuar a aumentar a produção e, simultaneamente, reduzir o desmatamento. Investimentos em tecnologia buscam tornar a pecuária mais sustentável, como o uso de gramíneas consorciadas com leguminosas forrageiras. O amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*) destaca-se dentre as leguminosas forrageiras por seu alto teor de proteína, boa cobertura do solo e compatibilidade com gramíneas, além da fixação biológica de nitrogênio. O programa de melhoramento do amendoim forrageiro tem como objetivo desenvolver novas cultivares adaptadas aos diversos climas do território brasileiro. Os marcadores moleculares são ferramentas importantes nesse processo, fornecendo informações sobre a divergência genética em banco de germoplasma, taxa de reprodução cruzada, e também no processo de certificação de hibridação.

**Palavras-Chave:** *Arachis pintoi*, marcadores moleculares, diversidade genética.

### ABSTRACT

The Brazilian agricultural sector has shown an increasing participation in the economy, especially in the world export market, where the beef cattle industry is highlighted. The challenge is to continue to increase production while reducing deforestation. Investments in technology seek to make livestock more sustainable, such as the use of grasses consorted with forage legumes. Forage peanuts (*Arachis pintoi*) stands out among forage legumes due to their high protein content, good soil cover and compatibility with grasses, as well as biological nitrogen fixation. The forage peanut breeding program aims to develop new cultivars adapted to the different climates of the Brazilian territory. Molecular markers are important tools in this process, providing information on genetic divergence in germplasm bank, cross-breeding rate, and also in the hybridization certification process.

**Keywords:** *Arachis pintoi*, molecular markers, genetic diversity.

## 1. INTRODUÇÃO

A agropecuária brasileira tem conquistado cada vez mais o mercado internacional. Segundo a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC), o agronegócio contribuiu com 22% do produto interno bruto (PIB) brasileiro, o que correspondeu a R\$ 1,42 trilhões em 2017. Considerando somente o PIB do agronegócio, a pecuária contribuiu com 31%, o equivalente a R\$ 430 bilhões.

O rebanho brasileiro tem crescido significativamente ao longo dos anos. Em 1974, o efetivo do rebanho era de 92,49 milhões de cabeças. Já em 2017, o efetivo foi de 221,81 milhões (IBGE, 2018), o que representou um crescimento de 132,34%.

A ocupação territorial da Amazônia legal influenciou diretamente no crescimento do rebanho na região. Segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2018), o rebanho bovino na Amazônia legal em 1974 era de 8,58 milhões de cabeças e teve um aumento de 896,37%, passando para 85,50 milhões em 2017. Assim, a pecuária é uma das atividades primárias mais importantes para a região. Considerando os municípios da Amazônia legal, 54,48% possuem uma pecuária bovina com baixo nível tecnológico e apenas 9,34% com nível tecnológico mais avançado (SANTOS et al., 2017). Isso significa que o sistema predominante ainda é o extensivo.

Nos últimos anos, a pressão pela redução do desmatamento tem crescido especialmente no mercado internacional onde os consumidores estão cada vez mais em busca do “boi verde” ou “boi de capim”. O desafio da pecuária brasileira é encontrar alternativas que permitam atender as demandas do mercado interno e externo, evitando a expansão do desmatamento através do aumento de produtividade (DIAS-FILHO, 2011; GARCIA et al., 2017; ZU ERMGASSEN et al., 2018).

O uso de pastagens consorciadas de gramíneas com leguminosas forrageiras apresenta vantagens, pois além de realizar a fixação biológica de nitrogênio também são uma fonte importante de proteína aos animais (LIMA et al., 2003), contribuindo na melhoria da fertilidade do solo e na produtividade animal.

Dentre as leguminosas forrageiras, o amendoim forrageiro tem-se destacado por possuir elevados teores de proteína bruta (entre 13 a 22%) e alta compatibilidade com gramíneas vigorosas sob pastejo intensivo, aumentando a produtividade em relação às pastagens exclusivas de gramíneas (LASCANO, 1994; LIMA et al., 2003). No Estado do Acre, o amendoim forrageiro apresentou um impacto positivo de aproximadamente R\$ 104

milhões ao ano em pastagens consorciadas (EMBRAPA, 2018). Entretanto, apesar disso ainda existem poucas cultivares disponíveis aos produtores. Por esse motivo, o programa de melhoramento de amendoim forrageiro tem o objetivo de desenvolver novas cultivares adaptadas as diversas condições edafoclimáticas do território brasileiro.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 USO DE AMENDOIM FORRAGEIRO EM PASTAGENS CONSORCIADAS NA AMAZÔNIA

Dentre as alternativas para uma pecuária sustentável, a intensificação do sistema produtivo na agropecuária tem-se destacado. A intensificação parte do princípio que uma maior quantidade de animais pode ser criada em uma mesma área (SWAIN et al., 2018), o que permite o aumento da produtividade sem a necessidade da expansão das pastagens através da derrubada de novas áreas. Entretanto, para que isso seja possível é necessário o investimento em tecnologias que irão permitir o aumento da produtividade, tais como: ambiente de produção altamente controlado, uso de alimentação comercial com otimização nutricional e aplicação de técnicas avançadas de melhoramento animal, o que produzirá animais maiores e que estarão prontos para o abate mais rápido do que no sistema extensivo tradicional (SWAIN et al., 2018).

Algumas medidas para a implementação da intensificação da produção pecuária na Amazônia têm sido avaliadas, dentre elas destacam-se os sistemas de pastejo rotacional, os sistemas silvipastoris com pastejo rotacional e o uso de pastagens consorciadas com leguminosas forrageiras.

O uso de pastagens consorciadas de gramíneas com leguminosas forrageiras é apontado como uma das possibilidades até para os pequenos produtores na região Amazônica. Essa prática permite a fixação biológica do nitrogênio ao solo, evitando a degradação das pastagens e melhorando a qualidade produtiva do solo, além de agregar maior valor nutricional ao pasto (SÁ; BAYMA; CARNEIRO JÚNIOR, 2008).

A implementação desse sistema no Estado do Acre ocorreu em 1976, pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). A puerária (*Pueraria phaseoloides*) foi a primeira leguminosa a ser adotada (VALENTIM; ANDRADE, 2005). A produtividade a partir desse consórcio foi de 4,9 a 12,5@/ha/ano. No entanto, houve baixa compatibilidade com o capim Estrela Africano sob pastejo intensivo.

Diante desse problema, a Embrapa divulgou o uso do amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* Krapov. & W.C. Greg.), através da cultivar Belomonte (Figura 1). O efeito da introdução de amendoim forrageiro em pastos de braquiária (*Brachiaria humidicola* cv. Comum) representaram um aumento de 42% na produtividade sobre o ganho de peso de novilhos Nelore (URBANSKI, 2016). A média de ganho de peso diário foi de 0,263kg/animal/dia na pastagem consorciada, enquanto que na pastagem exclusiva de gramínea foi de 0,186kg/animal/dia. Tais ganhos representaram a redução no tempo de abate de 37 para 29 meses.



Jônatas Chagas de Oliveira

**Figura 1.** Acessos do Banco Ativo de Germoplasma localizado na Embrapa Acre.

O ganho em animais castrados também foi expressivo. Animais castrados do pasto consorciado apresentaram produtividade 37% superior aos castrados do pasto puro (MACHADO, 2017). E ainda, os animais não castrados do pasto consorciado apresentaram desempenho 46,8% superior aos castrados de pasto puro.

Em outro estudo realizado por Maia (2018), os animais Nelore do pasto consorciado apresentaram acréscimo de 29,25% no ganho de peso total em relação aos de pasto puro. Animais cruzados com Aberdeen Angus tiveram ganho de peso total 65,46% maior do que os animais cruzados de pasto puro.

Esses ensaios demonstram a significativa rentabilidade do uso do amendoim forrageiro em pastagens consorciadas no processo de engorda do rebanho.

Na pecuária de leite os resultados também foram positivos. Lascano (1994) relatou um aumento de 17% a 20% na produção de leite. Em consórcio do amendoim forrageiro com capim Estrela foram observados aumentos de 1,4 kg de leite/vaca (GONZALES et al., 1996). Em uma pequena propriedade familiar no Estado do Acre, o amendoim forrageiro foi utilizado como banco de proteína e resultou no aumento na produção de leite de 3,6 para 5,2 L/vaca/dia (VALENTIM; CARNEIRO; SALES, 2001).

Ainda existem apenas seis cultivares catalogadas no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2019). Dentre essas cultivares, Amarillo e Belomonte são as mais utilizadas no mercado.

A cultivar Amarillo foi a primeira a ser lançada. Foi obtida a partir do primeiro acesso de *A. pintoi* coletado em 1954, por Geraldo Pinto no vale do rio Jequitinhonha, o qual chegou até o Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT, onde recebeu a identificação CIAT 17434. Foi levada à Austrália, onde foi lançada com o nome de Amarillo. Esse genótipo foi liberado comercialmente na Colômbia em 1992 (Maní Forrajero Perene), no México e Honduras em 1993 (Pico Bonito), na Costa Rica em 1994 (Maní Mejorador), e no Brasil em 1995 (Matsuda Genética 100 ou MG-100), onde recebeu o BRA 013251 (VALLS, 1992; BARCELLOS et al., 2000).

A cultivar Belomonte foi lançada no Brasil em 1999, tendo sua propagação por estolões, uma vez que possui baixa produção de sementes (PEREIRA; RESENDE; SANTANA, 1999; PAGANELLA; VALLS, 2002).

A cultivar BRS Mandobi foi obtida por meio de seleção massal, através de uma rede de avaliação de acessos instalada em 1999 (ASSIS; VALENTIM, 2009). Foi registrada em 2008 no Registro Nacional de Cultivares, e foi protegida segundo as normas do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento em 2011. É uma cultivar bem adaptada a região tropical e equatorial, com boa produtividade de biomassa, bom estabelecimento, boa tolerância a solos bem drenados ou com baixa permeabilidade (ASSIS, 2011). A principal característica dessa cultivar é a elevada produção de sementes, aproximadamente 3 t/ha/ano de sementes puras, após 18 a 21 meses de plantio. Tal característica a coloca como uma alternativa para a redução de custo do plantio do amendoim forrageiro pelos produtores (ASSIS; VALENTIM; ANDRADE, 2013).

Com a evolução das técnicas da genética molecular, o conhecimento sobre a espécie tem sido ampliado. Por esse motivo, os programas de melhoramento têm investido cada vez mais na genética molecular como um suporte.



## 2.2 ESTUDOS GENÉTICOS COM AMENDOIM FORRAGEIRO

### 2.2.1 Marcadores moleculares

O uso de marcadores moleculares em estudos com plantas tem sido cada vez maior, especialmente, por permitir a identificação precisa de diferenças (polimorfismo) entre genótipos. Os marcadores moleculares baseados no DNA permitem que o polimorfismo seja visualizado sem a interferência do ambiente, o que não ocorre com marcadores morfológicos (RAMALHO et al., 2012).

Dentre os marcadores moleculares, os microssatélites, também conhecidos como SSRs (*Simple Sequence Repeats*), são sequências curtas de DNA repetitivo compostas de um a seis nucleotídeos que ocorrem em todos os organismos (KALIA et al., 2011; RAMALHO et al., 2012). Sua amplificação é realizada *in vitro* por meio de PCR (*Polimerase Chain Reaction*), o que permite que pequenas quantidades de DNA possam ser analisadas (KALIA et al., 2011).

As principais vantagens desses marcadores são: natureza codominante, que possibilita a identificação de indivíduos heterozigotos; seu alto grau de polimorfismo, permite detectar um grande número de alelos por loco; regiões flaqueadoras aos microssatélites, em geral, são altamente conservadas dentro de cada gênero, o que permite a transferência entre espécies (KALIA et al., 2011). A principal desvantagem é o custo envolvido em seu desenvolvimento.

No gênero *Arachis* existem, aproximadamente, 4,5 mil marcadores microssatélites (HE et al., 2003; FERGUSON et al., 2004; MORETZSOHN et al., 2005; MARTINS et al., 2006; GIMENES et al., 2007; PROITE et al., 2007; CUC et al., 2008; GUO et al., 2008; NAITO et al., 2008; LIANG et al., 2009; QIN et al., 2012; SHIRASAWA et al., 2012, 2013; TANG et al., 2012; WANG et al., 2012; ZHANG et al., 2012; HUANG et al., 2016; ZHOU et al., 2016). A maioria foi desenvolvida para o amendoim comum (*A. hypogaea*), em virtude de sua importância econômica.

Para o amendoim forrageiro (*A. pintoi*), existem atualmente 25 locos (PALMIERI et al., 2002; PALMIERI et al., 2005; PALMIERI et al., 2010). Estes locos apresentaram elevados índices de polimorfismo e transferibilidade dentro do gênero *Arachis* (BRAVO et al., 2006; GIMENES et al., 2007; ANGELICI et al., 2008; PALMIERI et al., 2010; AZÊVEDO et al., 2016). Um protocolo foi desenvolvido para identificar híbridos em cruzamentos controlados de amendoim forrageiro, indicando os melhores locos (CAMPOS et al., 2016). Essa é uma etapa essencial para o desenvolvimento de novas cultivares, pois permite a

identificação entre genótipos que, na maior parte dos casos, não podem ser identificados através de descritores morfológicos.

Quando se considera características ideais para genotipagem, como ausência de bandas inespecíficas e elevado polimorfismo, esse número se restringe a 10 locos com adequado padrão (AZÊVEDO et al., 2016). Dessa forma, como há a necessidade de ampliar a quantidade de marcadores moleculares, novas metodologias têm sido utilizadas. Dentre essas, o RNA-Seq (*RNA sequencing*) é uma técnica robusta e tem permitido o estudo do genoma funcional de espécies que ainda não possuem sequências genômicas disponíveis (WIT et al., 2012). O RNA-Seq acessa diretamente regiões codificantes do genoma, além de possuir resolução de uma base, o que a torna útil para estudos de organismos com genomas funcionais (transcriptomas) complexos (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009).

Com o uso do RNA-Seq é possível desenvolver milhares de SSRs com menor custo e esforço do que as técnicas tradicionais (TAHERI et al., 2018). No gênero *Arachis* essa técnica tem sido empregada, principalmente, no amendoim comum e nas espécies silvestres mais próximas filogeneticamente (*A. hypogaea*, *A. ipaensis* e *A. duranensis*) (CHOPRA et al., 2014), permitindo a identificação de, aproximadamente, 250 mil SSRs através das sequências depositadas em bancos de dados públicos e novos dados de transcriptomas (ZHANG et al., 2012; PENG et al., 2016; LOU et al., 2017; WANG et al., 2018). Atualmente, Oliveira JC executa um projeto de doutorado com essa técnica para o desenvolvimento de microssatélites funcionais para *A. pintoii* (comunicação pessoal).

## **2.2.2 Estudos moleculares associados ao programa de melhoramento**

### **2.2.2.1 Caracterização da diversidade genética molecular de amendoim forrageiro**

Uma das formas de conservação de espécies é *ex situ*, na qual as espécies são conservadas fora do seu ambiente natural. A conservação de uma espécie em banco ativo de germoplasma (BAG) tem por objetivo preservar a variabilidade genética, evitando a perda de alelos. Para este fim, são coletadas amostras (acessos) silvestres e domesticados, visando obter a representatividade da máxima variabilidade genética possível da espécie conservada (BORÉM; MIRANDA, 2009). No entanto, os bancos de germoplasma podem ter uma grande quantidade de acessos e, em muitos casos, pode haver duplicatas, o que aumenta o custo e trabalho na manutenção (MOURA et al., 2013). Por esse motivo, estudos de caracterização molecular dos BAGs são importantes, pois

permitem a identificação de acessos redundantes, além de fornecer maiores informações sobre a divergência genética que podem auxiliar no trabalho dos pesquisadores.

Azêvedo (2014) avaliou a diversidade genética de todos os 145 acessos do BAG de amendoim forrageiro das espécies *A. pintoi*, *A. repens*, *A. glabrata*, *A. helodes* e híbridos intra e interespecíficos localizados na Embrapa Acre, com marcadores microssatélites. Foram encontrados valores elevados de diversidade genética e ausência de duplicatas, indicando que os acessos possuem uma boa representatividade da base genética dos centros de origem. Não houve a detecção de grupos definidos com base nas espécies *A. pintoi* e *A. repens*, confirmando a similaridade filogenética compartilhada entre essas espécies (AZÊVEDO et al., 2016).

Os dados de genotipagem também forneceram informações para a estimativa de uma coleção nuclear com base molecular. Foram identificados 15 acessos representativos da diversidade do BAG existente para *A. pintoi* e *A. repens* (AZÊVEDO et al., 2015). Dentre os acessos da coleção nuclear, houve também a representação de características morfológicas únicas no germoplasma: a maior média para o comprimento do folíolo basal, único acesso com flor branca, presença de florescimento precoce. Assim, a análise molecular conseguiu discriminar efetivamente genótipos divergentes. Conclui-se que houve a detecção de um número mínimo de acessos para ser usado como coleção de trabalho e referência da diversidade da espécie.

Os resultados da diversidade molecular de amendoim forrageiro forneceram informações inéditas e valiosas para o conhecimento e o avanço do melhoramento na espécie. A divergência molecular também poderá ser usada juntamente à caracterização morfológica para escolha de genitores do programa de melhoramento.

#### 2.2.2.2 Estimativa da reprodução cruzada em amendoim forrageiro

O sistema reprodutivo define como os genes são transmitidos para a próxima geração. Por isso, seu conhecimento é fundamental para estudos de conservação *ex situ* e melhoramento de plantas, pois permite delinear estratégias que aperfeiçoem a amostragem da variabilidade genética, além de nortear as melhores formas de multiplicação de sementes e os modelos mais adequados de melhoramento. Apesar disso, informações sobre a taxa de cruzamento no gênero *Arachis*, são limitadas a espécie *Arachis hypogaea*, o amendoim comum (COFFELT, 1989; KNAUFT; CHIYEMBEKEZA; CORBET, 1992) e são baseadas em marcadores morfológicos.



Em relação ao sistema reprodutivo, as plantas podem ser classificadas em autógamias, alógamas e mistas. Os métodos tradicionais de determinação do sistema de reprodução consistem na observação dos cruzamentos, comportamento dos polinizadores, exame da morfologia floral e resultados de experimentos controlados de polinização (MORAES; MONTEIRO, 2002).

A determinação do sistema reprodutivo pode ser feita por meio de marcadores moleculares, que possuem muitos locos com alelos codominantes e segregantes, e são encontrados frequentemente nas populações, possibilitando a obtenção de estimativas mais acuradas da taxa de cruzamento (RITLAND; JAIN, 1981).

Para avaliar a reprodução cruzada em *A. pintoii*, Oliveira (2015) analisou 14 acessos do BAG localizado na Embrapa Acre. A taxa de cruzamento variou entre os acessos analisados (2% a 91%), com valor médio de 36% para a espécie (Tabela 1).

**Tabela 1.** Estimativas da taxa de cruzamento para os acessos de *A. pintoii*.  $t_m$ : taxa de cruzamento multilocos;

<b>Acesso</b>	<b><math>t_m</math></b>
V 6727	0,704 ±0,071
V 6784	0,625 ±0,154
W 34	0,173 ±0,074
W 647	0,564 ±0,062
V 5895	0,168 ±0,065
V 6740	0,792 ±0,096
V 13196	0,118 ±0,040
V 13198	0,425 ±0,074
V 6791wf	0,309 ±0,064
Belomonte	0,916 ±0,001
W 1000	0,265 ±0,094
BRS Mandobi	0,864 ±0,193
Amarillo MG-100	0,019 ±0,000
V 13888	0,266 ±0,062
<i>A. pintoii</i>	0,367 ±0,076

Esses valores indicaram que a espécie possui um sistema de cruzamento misto com predominância de autogamia, e que os polinizadores podem influenciar significativamente a taxa de cruzamento. Até a realização desse estudo, acreditava-se que as espécies do gênero *Arachis* eram autógamias restritas devido aos estudos com marcadores morfológicos em amendoim comum que detectaram valores de fecundação

cruzada entre 1,5 e 8% (COFFELT, 1989; KNAUFT; CHIYEMBEKEZA; CORBET, 1992) e devido a anatomia do sistema floral (COSTA, 2012). O resultado da estimativa molecular conseguiu detectar com maior acurácia o fluxo gênico entre os acessos e comprovou uma mudança conceitual na perspectiva da biologia reprodutiva da espécie.

A partir dessas informações, novas estratégias de conservação do BAG devem ser adotadas para evitar a atuação dos polinizadores, o que pode resultar no efetivo cruzamento entre acessos da coleção. Além disso, as estratégias para melhoramento de *A. pinto* também devem ser alteradas, o que interfere na forma como são realizados os cruzamentos, o avanço de gerações e produção de sementes, por exemplo.

### 3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A produção da pecuária brasileira precisa acompanhar a demanda crescente do mercado nacional e internacional. No entanto, para que ocorram mudanças reais na pecuária, especialmente na Amazônia, são necessárias medidas que facilitem o acesso dos produtores ao sistema produtivo com nível tecnológico elevado, o que irá resultar em redução do desmatamento e no aumento da renda dos produtores. Estratégias e tecnologias estão sendo desenvolvidas para alcançar esse objetivo. O uso do amendoim forrageiro em pastagens consorciadas é uma alternativa que tem resultados positivos não somente no ganho de peso e produção de leite, mas também na recuperação da fertilidade do solo e qualidade das pastagens. Com o objetivo de tornar o uso do amendoim forrageiro mais atrativo aos produtores, pesquisadores têm buscado desenvolver novas cultivares. Estudos moleculares têm fornecido informações importantes sobre a biologia do amendoim forrageiro, o que tem contribuído no avanço do conhecimento da espécie para uso no melhoramento.

A perspectiva é que nos próximos anos seja possível empregar técnicas ainda mais avançadas que fornecerão respostas em relação a expressão gênica, transcriptoma, desenvolvimento de mapas de ligação e mapeamento de QTLs, seleção genômica ampla.

### 4. REFERÊNCIAS

ABIEC. ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE. **Abiec: Perfil da pecuária no Brasil**. Disponível em: <<https://www.beefpoint.com.br/abiec-perfil-da-pecuaria-no-brasil/>> acesso em 23/01/2019.

ANGELICI, C.M.L.C.D.; HOSHINO, A.A.; NÓBILE, P.M.; PALMIERI, D.A.; VALLS, J.F.M.; GIMENES, M.A.; LOPES, C.R. Genetic diversity in section *Rhizomatosae* of the genus *Arachis* (Fabaceae) based on microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 1, p. 79-88, 2008.

ASSIS, G.M.L. **Produção de sementes de *Arachis pintoi* cv. BRS BRS Mandobi no Acre.** Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Amendoim/ProducaoSementesArachisAcre/index.htm>>. Acessado em 13/05/2018.

ASSIS, G.M.L.; VALENTIM, J.F. Forage peanut breeding program in Brazil. **Proceedings of the 2nd International Symposium of Forage Breeding**, 2009.

ASSIS, G.M.L.; VALENTIM, J.F.; ANDRADE, C.M.S. BRS Mandobi: a new forage peanut cultivar propagated by seeds for the tropics. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 39-41, 2013.

AZÊVEDO, H.S.F.S. **Caracterização da diversidade genética de amendoim forrageiro com marcadores microssatélites.** (Dissertação) Mestrado em Ciência, Inovação e Tecnologia para Amazônia – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, 2014.

AZÊVEDO, H.S.F.S.; ALVES FILHO, J.; SOUSA, A.C.B.; ASSIS, G.M.L.; CAMPOS, T. A coleção nuclear de germoplasma de amendoim forrageiro. **I Congresso Regional de Pesquisa do Estado do Acre e XXIV Seminário de Iniciação Científica da UFAC**, 2015.

AZÊVEDO, H.S.F.S.; SOUSA, A.C.B.; MARTINS, K.; OLIVEIRA, J.C.; YOMURA, R.B.T.; SILVA, L.M.; VALLS, J.F.M.; ASSIS, G.M.L.; CAMPOS, T. Genetic diversity of the forage peanut in the Jequitinhonha, São Francisco, and Paranã River valleys of Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n. 3, p. 1-11, 2016.

BARCELLOS, A.O.; ANDRADE, R.P.; KARIA, C.T.; VILELA, L. Potencial e uso de leguminosas forrageiras dos gêneros *Stylosanthes*, *Arachis* e *Leucena*. **Simpósio sobre Manejo da Pastagem**, 2000.

BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. **Marcadores moleculares.** 2ª ed. Editora UFV, 2009.

BRAVO, J.P.; HOSHINO, A.A.; ANGELICI, C.M.L.C.; LOPES, C.R.; GIMENES, M.A. Transferability and use of microsatellite markers for the genetic analysis of the germplasm of some *Arachis* section species of the genus *Arachis*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, p. 516-524, 2006.

CAMPOS, T.; AZÊVEDO, H.S.F.S.; OLIVEIRA, J.C.; FERREIRA FILHO, J.A.; YOMURA, R.B.T.; SILVA, L.M. **Protocolo para identificação de híbridos de amendoim forrageiro utilizando marcador molecular microssatélite.** Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/156276/1/26263.pdf>>. Acessado em 22/02/2019.

CHOPRA, R.; BUROW, G.; FARMER, A.; MUDGE, J.; SIMPSON, C.E.; BUROW, M.D. Comparisons of *de novo* transcriptome assemblers in diploid and polyploid species using peanut (*Arachis* spp.) RNA-seq data. **PloS ONE**, v.9, n.12, p. 1-16, 2014.

COFFELT, T.A. Natural crossing of peanut in Virginia. **Peanut Science.**, v.16, p. 46-48, 1989.

COSTA, L.C. **Biologia floral de espécies do gênero *Arachis* L. (Fabaceae-Papilionoideae), com ênfase em aspectos da morfologia floral e na anatomia de ovários.** (Tese) Doutorado em Botânica – Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, 2012.

CUC, L.M.; MACE, E.S.; CROUCH, J.H.; QUANG, V.D.; LONG, T.D.; VARSHNEY, R.K. Isolation and characterization of novel microsatellite markers and their application for diversity assessment in cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **BMC Plant Biology.**, v. 8, n. 1, p. 1-11, 2008.

DIAS FILHO, M.B. Os desafios da produção animal em pastagens na fronteira agrícola brasileira. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 40, p. 243-252, 2011.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Balanco Social da Embrapa 2017.** Disponível em: <<https://bs.sede.embrapa.br/2017/balancosocialeembrapa2017web.pdf>> acesso em 14/02/2019.

FERGUSON, M.E.; BUROW, M.D.; SCHULZE, S.R.; BRAMEL, P.J.; PATERSON, A.H.; KRESOVICH, S.; MITCHELL, S. Microsatellite identification and characterization in peanut (*A. hypogaea* L.). **Theoretical and Applied Genetics.**, v. 108, n. 6, p. 1064-1070, 2004.

GARCIA, E.; RAMOS FILHO, F.S.V.; MALLMANN, G.M.; FONSECA, F. Costs, benefits and challenges of sustainable livestock intensification in a major deforestation frontier in the Brazilian Amazon. **Sustainability.**, v. 9, n. 1, p. 158-174, 2017.

GIMENES, M.A.; HOSHINO, A.A.; BARBOSA, A.V.G.; PALMIERI, D.A.; LOPES, C.R. Characterization and transferability of microsatellite markers of the cultivated peanut (*Arachis hypogaea*). **BMC Plant Biology.**, v. 7, n. 1, p. 1-13, 2007.

GONZALES, M.S.; NEURKVAN, L.M.; ROMERO, F.; PEZO, D.A.; ARGEL, P.J. Produccion de leche en pasturas de estrella africana (*Cynodon nlemfluensis*) solo y asociado con *Arachis pintoi* o *Desmodium ovalifolium*. **Pasturas tropicales.**, v. 18, n. 1, p. 2-12, 1996.

GUO, B.Z.; CHEN, X.; DANG, P.; SCULLY, B.T.; LIANG, X.; HOLBROOK, C.C.; YU, J.; CULBREATH, A.K. Peanut gene expression profiling in developing seeds at different reproduction stages during *Aspergillus parasiticus* infection. **BMC Developmental Biology.**, v. 8, n. 1, p. 1-16, 2008.

HE, G.M.; NEWMAN, M.G.G.; PITTMAN, R.N.; PRAKASH, C.S. Microsatellites as DNA markers in cultivated peanut (*A. hypogaea* L.). **BMC Plant Biology.**, v. 3, n. 1, p. 1-6, 2003.

HUANG, L.; WU, B.; ZHAO, J.; LI, H.; CHEN, W.; ZHENG, Y.; REN, Y.; ZHOU, X.; LEI, Y.; LIAO, B.; JIANG, H. Characterization and transferable utility of microsatellite markers in the wild and cultivated *Arachis* species. **PLoS ONE.**, v. 11, n. 5, p. 1-15, 2016.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Sistema IBGE de Recuperação Automática - SIDRA.** Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939>>. Acesso em 14/02/2019.

KALIA, R.K.; RAI, M.K.; KALIA, S.; SINGH, R.; DHAWAN, A.K. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica.**, v. 177, n. 3, p. 309-334, 2011.

KNAUFT, D.A.; CHIYEMBEKEZA, A.J.; CORBET, D.W. Possible Reproductive Factors Contributing to Outcrossing in Peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Peanut Science.**, v.19, p. 29-31, 1992.

LASCANO, C.E. Nutritive value and animal production of forage Arachis. In: KERRIDGE, P.C.; HARDY, B. **Biology and agronomy of forage Arachis.** CIAT, 1994.

LIANG X.; CHEN, X.; HONG, Y.; LIU, H.; ZHOU, G.; LI, S.; GUO, B. Utility of EST-derived SSR in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) and *Arachis* wild species. **BMC Plant Biology.**, v. 9, n. 1, p. 1-9, 2009.

LIMA, J.A.; PINTO, J.C.; EVANGELISTA, A.R.; SANTANA, R.A.V. **Amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* Krapov. & Greg).** Disponível em: <<http://www.editora.ufla.br/Boletim/pdfextensao/bol01.pdf>>. Acessado em 24/08/2016.

LUO, H.; XU, Z.; LI, Z.; LI, X.; LV, J.; REN, X.; et al. Development of SSR markers and identification of major quantitative trait loci controlling shelling percentage in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Theoretical and Applied Genetics.**, v. 130, n. 8, p. 1635-1648, 2017.

MACHADO, M.L.C. **Desempenho de novilhos Nelore castrados e não-castrados sob pastejo em *Brachiaria humidicola* pura e em consórcio com amendoim forrageiro.** (Dissertação) Mestrado em Sanidade e Produção Animal Sustentável na Amazônia Ocidental – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, 2017.

MAIA, G.F.N. **Desempenho produtivo de dois grupos genéticos de bovinos de corte em pastos puros e consorciados na Amazônia Ocidental.** (Dissertação) Mestrado em Sanidade e Produção Animal Sustentável na Amazônia Ocidental – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, 2018.

MAPA. MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **CultivarWeb.** Disponível em: <[http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares\\_registradas.php](http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php)>. Acesso em 24/01/2019.

MARTINS, W.S.D.; PROITE, K.P.; MORETZSOHN, M.; BERTIOLI, D.J. New softwares for automated microsatellite marker development. **Nucleic Acids Research.**, v. 34, n. 4, p. 1-4, 2006.

MORETZSOHN, M.C.; LEOI, L.; PROITE, K.; GUIMARÃES, P.M.; LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; GIMENES, M.A.; et al. A microsatellite based, gene-rich linkage map for the AA genome of *Arachis* (Fabaceae). **Theoretical and Applied Genetics.**, v. 111, n. 6, p. 1060-1071, 2005.

NAITO, Y.; SUZUKI, S.; IWATA, Y.; KUBOYAMA, T. Genetic diversity and relationship analysis of peanut germplasm using SSR markers. **Breeding Science.**, v. 58, n. 3, p. 293-300, 2008.

OLIVEIRA, J.C. **Taxa de cruzamento e diversidade genética em *Arachis pintoi* com marcadores microssatélites.** (Dissertação) Mestrado em Ciência, Inovação e Tecnologia para a Amazônia – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, 2015.



PAGANELLA, M.B.; VALLS, J.F.M. Caracterização morfológica de cultivares e acessos selecionados de *Arachis pintoi* Krapov. & Gregory. **Pasturas Tropicales.**, v. 24, n. 2, p. 23-30, 2002.

PALMIERI, D.A.; BECHARA, M.D.; CURI, R.A.; GIMENES, M.A.; LOPES, C.R. Novel polymorphic microsatellite markers in section *Caulorrhizae* (*Arachis*, Fabaceae). **Molecular Ecology Notes.**, v. 5, n. 1, p. 77-79, 2005.

PALMIERI, D.A.; BECHARA, M.D.; CURI, R.A.; MONTEIRO, J.P.; VALENTE, S.E.S.; GIMENES, M.A.; LOPES, C.R. Genetic diversity analysis in the section *Caulorrhizae* (genus *Arachis*) using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology.**, v. 33, n. 1, p. 109-118, 2010.

PALMIERI, D.A.; HOSHINO, A.A.; BRAVO, J.P.; LOPES, C.R.; GIMENES, M.A. Isolation and characterization of microsatellite loci from the forage species *Arachis pintoi* (Genus *Arachis*). **Molecular Ecology Notes.**, v. 2, n. 4, p. 551-553, 2002.

PENG, Z.; GALLO, M.; TILLMAN, B.L.; ROWLAND, D.; WANG, J. Molecular marker development from transcript sequences and germplasm evaluation for cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Molecular Genetics and Genomics.**, v. 291, n. 1, p. 363-381, 2016.

PEREIRA, J.M.; RESENDE, C.P.; SANTANA, J.R. **Amendoim forrageiro cv. Belomonte (*Arachis pintoi* Krapov & Gregory): Uma nova opção de leguminosa forrageira.** Disponível em: <<http://www.ceplac.gov.br/radar/amendoim%20forrageiro.htm>> Acessado em 20/02/2019.

PROITE, K.; LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; BERTIOLI, D.J.; MORETZSOHN, M.C.; SILVA, F.R.; MARTINS N.F.; GUIMARÃES, P.M. ESTs from a wild *Arachis* species for gene discovery and marker development. **BMC Plant Biology.**, v. 7, n. 1, p. 1-10, 2007.

QIN, H.; FENG, S.; CHEN, C.; GUO, Y.; KNAPP, S.; CULBREATH, A.; HE, G.; WANG, M.L.; ZHANG, X.; HOLBROOK, C.C.; OZIAS-AKINS, P.; GUO, B. An integrated genetic linkage map of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) constructed from two RIL populations. **Theoretical and Applied Genetics.**, v. 124, n. 4, p. 653-664, 2012.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA, J.C. **Genética na Agropecuária.** 5ª ed. Editora UFLA, 2012.

SANTOS, M.A.S.; JÚNIOR, J.B.L.; SANTANA, A.C.; HOMMA, A.K.O.; ANDRADE, S.J.T.; SILVA, A.G.M. Caracterização do nível tecnológico da pecuária bovina na Amazônia Brasileira. **Revista de Ciências Agrárias.**, v. 60, n. 1, p. 103-111, 2017.

SHIRASAWA, K.; BERTIOLI, D.J.; VARSHNEY, R.K.; MORETZSOHN, M.C.; LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; THUDI, M.; et al. Integrated consensus map of cultivated peanut and wild relatives reveals structures of the A and B genomes of *Arachis* and divergence of the legume genomes. **DNA Research.**, v. 20, n. 2, p. 173-184, 2013.

SHIRASAWA, K.; KOILKONDA, P.; AOKI, K.; HIRAKAWA, H.; TABATA, S.; WATANABE, M.; et al. In silico polymorphism analysis for the development of simple sequence repeat and transposon markers and construction of linkage map in cultivated peanut. **BMC Plant Biology.**, v. 12, n. 1, p. 1-13, 2012.

SWAIN, M.; BLOMQUIST, L.; McNAMARA, J.; RIPPLE, W.J. Reducing the environmental impact of global diets. **Science of the Total Environment.**, v. 610, p. 1207–1209, 2018.

TAHERI, S.; LEE ABDULLAH, T.; YUSOP, M.R.; HANAFI, M.M.; SAHEBI, M.; AZIZI, P.; SHAMSHIRI, R.R. Mining and development of novel SSR markers using next generation sequencing (NGS) data in plants. **Molecules**, v. 23, n. 2, p. 399-419, 2018.

TANG, M.; CHEN, Y.; REN, X.; HUANG, L.; ZHOU, X.; YAN, H.; JIANG, H. Genetic diversity of *Arachis* accessions by EST-SSR from cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Acta Agronomica Sinica**, v. 38, p. 1221-1231, 2012.

URBANSKI, A. S. **Consórcio de pastagens como ferramenta para aumento de produtividade animal na Amazônia Ocidental**. (Dissertação) Mestrado em Sanidade e Produção Animal Sustentável na Amazônia Ocidental – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, 2016.

VALENTIM, J.F.; ANDRADE, C.M.S. **Tropical kudzu (*Pueraria phaseoloides*): Successful adoption in sustainable cattle production systems in the western Brazilian Amazon**. Disponível em: <[https://www.tropicalgrasslands.asn.au/Tropical%20Grasslands%20Journal%20archive/PDFs/Vol\\_39\\_2005/Vol\\_39\\_04\\_2005\\_pp221\\_221.pdf](https://www.tropicalgrasslands.asn.au/Tropical%20Grasslands%20Journal%20archive/PDFs/Vol_39_2005/Vol_39_04_2005_pp221_221.pdf)>. Acessado em 25/01/2019.

VALENTIM, J.F.; CARNEIRO, J.C.; SALES, M.F.L. **Amendoim forrageiro cv. Belomonte para a diversificação das pastagens e conservação do solo no Acre**. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/503361/1/cirtec43.pdf>>. Acessado em 24/01/2019.

VALLS, J.F.M. Origem do germoplasma de *Arachis pinto* disponível no Brasil. **Red International de Evaluación de Pastos Tropicales – RIEPT**, 1992.

WANG, H.; LEI, Y.; YAN, L.; WAN, L.; CAI, Y.; YANG, Z.; LV, J.; ZHANG, X.; XU, C.; LIAO, B. Development and validation of simple sequence repeat markers from *Arachis hypogaea* transcript sequences. **The Crop Journal**, v. 6, n. 2, p. 172-180, 2018.

WANG, H.; PENMETS, R.V.; YUAN, M.; GONG, L.; ZHAO, Y.; GUO, B.; et al. Development and characterization of BAC-end sequence derived SSRs, and their incorporation into a new higher density genetic map for cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). **BMC Plant Biology**, v. 12, n. 1, p. 1-11, 2012.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, n. 1, p. 57-63, 2009.

WIT, P.; PESPENI, M.H.; LADNER, J.T.; BARSHIS, D.J.; SENECA, F.; JARIS, H.; et al. The simple fool's guide to population genomics via RNA-Seq: an introduction to high-throughput sequencing data analysis. **Molecular Ecology Resources**, v. 12, n. 6, p. 1058-1067, 2012.

ZHANG, J.; LIANG, S.; DUAN, J.; WANG, J.; CHEN, S.; CHENG, Z.; et al. *De novo* assembly and characterization of the transcriptome during seed development, and generation of genic-SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **BMC Genomics**, v. 13, n. 1, p. 90-96, 2012.

ZHOU, X.; DONG, Y.; ZHAO, J.; HUANG, L.; REN, X.; CHEN, Y.; et al. Genomic survey sequencing for development and validation of single-locus SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 1-14, 2016.

ZU ERMGASSEN, E.K.H.J.; ALCÂNTARA, M.P.; BALMFORD, A.; BARIONI, L.; NETO, F.B.; BETTARELLO, M.M.F.; et al. Results from on-the-ground efforts to promote sustainable cattle ranching in the Brazilian Amazon. **Sustainability**, v. 10, n. 4, p. 1301-1327, 2018.