



DIVERGÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERES AGRONÔMICOS ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE AMENDOIM FORRAGEIRO

Giselle Mariano Lessa de Assis¹; Judson Ferreira Valentim¹; José Marlo Araújo de Azevedo²; Hellen Sandra Freires da Silva; Sabrina Sondre de Oliveira Reis²

¹Embrapa Acre. giselle@cpafac.embrapa.br; judson@cpafac.embrapa.br

²Universidade Federal do Acre. m.marlo@yahoo.com.br; sabinasondre@yahoo.com.br

³União Educacional do Norte – Uninorte. hellenfreires@gmail.com

Palavras-chave: agrupamento, *Arachis*, caracterização agronômica, divergência genética.

As espécies *Arachis pintoi* e *Arachis repens* apresentam grande potencial forrageiro e vêm sendo empregadas com sucesso em pastagens consorciadas nos trópicos sul-americanos. O conhecimento da divergência genética auxilia o melhorista na escolha de progenitores para realização de cruzamentos. Este estudo teve como objetivo realizar estudo de divergência genética para caracteres agronômicos entre acessos de amendoim forrageiro. Foram avaliados 21 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Amendoim Forrageiro localizado na Embrapa Acre. Foram avaliadas: cobertura do solo e produção de matéria seca no estabelecimento; relação folha/talo e produção de matéria seca em seis cortes; proteína bruta, fibra em detergente neutro e fibra em detergente ácido. O delineamento foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. Foi realizada a análise de componentes principais e calculado o quadrado da distância euclidiana média, considerando-se o valor genotípico predito pela metodologia de modelos mistos. Posteriormente, empregou-se o método de otimização de Tocher visando agrupamento dos acessos, de forma que existisse homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos. Na análise de componentes principais, os três primeiros autovalores acumularam 79% da variação total, possibilitando a identificação de acessos divergentes pela análise da dispersão gráfica. Foram estabelecidos oito grupos pelo método de Tocher, sendo quatro grupos formados por apenas um indivíduo e os demais formados por 7, 3, 5 e 2 acessos. Os acessos de *A. repens* foram alocados em dois grupos, ambos separados dos acessos de *A. pintoi*. O híbrido interespecífico também foi alocado em um grupo isolado dos demais. Essas informações associadas à superioridade genética para os caracteres de interesse permitirão a escolha de progenitores para o programa de hibridação. Conclui-se que há acessos divergentes na coleção avaliada, a qual possui ampla variabilidade genética para caracteres agronômicos.

Fontes Financiadoras: CNPq, Unipasto e Tesouro Nacional.