



Variabilidade de caracteres morfológicos avaliados entre genótipos de amendoim forrageiro no Acre¹

Ana Paula Morais Menezes², Hellen Sandra Freires da Silva³, José Marlo Araújo de Azevedo⁴, Giselle Mariano Lessa de Assis⁵

¹Fontes Financiadoras: Unipasto e Tesouro Nacional.

²Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – UFAC/Rio Branco. Bolsista da CAPES. e-mail: anapaulamorais18@hotmail.com

³Graduanda do Curso de Ciências Biológicas da UNINORTE/Rio Branco, AC. Estagiária da Embrapa Acre.

⁴Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – UFAC/Rio Branco. Bolsista do CNPq.

⁵Pesquisadora da Embrapa Acre.

Resumo: O conhecimento da variabilidade genética entre acessos de um banco de germoplasma faz-se necessário, de forma que o melhorista possa identificar os potencialmente úteis, para serem introduzidos em seu programa de melhoramento. Este estudo teve como objetivo verificar a existência de variabilidade genética entre acessos de amendoim forrageiro, com base em caracteres morfológicos vegetativos. Foram avaliados sete caracteres morfológicos em 18 genótipos de amendoim forrageiro, em um delineamento em blocos ao acaso com cinco repetições. Foram realizadas análises descritivas e de variância, seguidas do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Todas as características avaliadas foram significativas a 5% de probabilidade. Os sete caracteres, em conjunto, foram capazes de discriminar 83% dos genótipos. Conclui-se que existe variabilidade genética para as características morfológicas entre genótipos de amendoim forrageiro, os quais apresentam grande potencial a ser explorado em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Arachis pintoi*, *Arachis repens*, banco de germoplasma, caracterização morfológica, leguminosa forrageira, melhoramento genético

Variability of morphological traits among genotypes of forage peanut in Acre

Abstract: The knowledge of genetic variability among accessions of a germplasm bank is important, since the breeder can identify the potentially useful genotypes to be introduced in the breeding program. The objective of this study was to verify the existence of genetic variability among accessions of forage peanut, based on vegetative morphological traits. Seven morphological traits were evaluated in 18 genotypes of forage peanut, in a randomized block design with five repetitions. Descriptive analyses and analysis of variance were performed, followed by Scott-Knott test at 5% of probability. All the traits were significant at 5% of probability. The seven traits, together, were able to discriminate 83% of the genotypes. There is genetic variability for the morphological traits among forage peanut genotypes, which have great potential to be exploited in breeding programs.

Keywords: *Arachis pintoi*, *Arachis repens*, forage legume, genetic improvement, germplasm bank, morphological characterization

Introdução

O conhecimento da variabilidade genética entre acessos de um banco de germoplasma faz-se necessário, de forma que o melhorista possa identificar os potencialmente úteis, para serem introduzidos em seu programa de melhoramento. A caracterização morfológica é um dos procedimentos adequados para o conhecimento desta variabilidade, sendo a aplicação disciplinada de descritores de suma importância para se conhecer e diferenciar acessos ou espécies próximas (Azevedo et al., 2008).

Este trabalho teve como objetivo verificar a existência de variabilidade genética entre acessos de amendoim forrageiro, com base em caracteres morfológicos.

Material e Métodos

Foram avaliados 18 acessos de amendoim forrageiro. O experimento foi implantado no Campo



Experimental da Embrapa Acre em novembro de 2008, em um delineamento em blocos ao acaso com cinco repetições, sendo cada parcela formada por uma área de 4 m². A avaliação foi realizada em julho de 2009, com base nas seguintes características morfológicas vegetativas: comprimento do folíolo basal (CFB), largura do folíolo basal (LFB), comprimento do folíolo apical (CFA), largura do folíolo apical (LFA), comprimento do pecíolo (CPE), comprimento médio do entrenó (CME) e diâmetro médio do entrenó (DME). Todas as características foram mensuradas em milímetros, em três estolhos de cada parcela, com o auxílio de um paquímetro digital. As características CFB, LFB, CFA, LFA e CPE foram mensuradas na quarta folha no sentido ápice-base, utilizando-se estolhos bem expandidos. Para as características CME e DME, os três entrenós distais foram desconsiderados, sendo mensurados o comprimento e diâmetro dos entrenós 4 e 5; 5 e 6; e 6 e 7.

Foram realizadas análises estatísticas descritivas e análise de variância para cada característica. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. A correlação de Pearson foi estimada entre as características. O programa computacional GENES (Cruz, 2006) foi utilizado para realização das análises.

Resultados e Discussão

Os resultados das análises descritivas e de variância para cada característica estão apresentados na Tabela 1. Verifica-se que há variabilidade genética para todas as características analisadas, segundo o teste F a 1% de probabilidade.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) obtidos foram de média a alta magnitude (Tabela 1). Os menores valores foram observados para LFB (8,50%) e CFA (8,79%). Os maiores valores foram verificados para CPE (15,76%) e CEN (21,16%). A relação entre os coeficientes de variação genética e experimental foram maior que a unidade para todas as características, o que reflete uma situação bastante favorável à seleção.

Tabela 1 Média, mínimo, máximo, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação experimental (CVe) e coeficiente de variação genético (CVg) das características: comprimento do folíolo basal (CFB), largura do folíolo basal (LFB), comprimento do folíolo apical (CFA), largura do folíolo apical (LFA), comprimento do pecíolo (CPE), comprimento médio do entrenó (CME) e diâmetro médio do entrenó (DME), mensuradas em 18 genótipos de amendoim forrageiro.

Característica (mm)	Média	Mínimo	Máximo	DP	CVe (%)	CVg (%)	QM
CFB	19,53	9,96	29,22	3,79	9,16	17,47	61,43**
LFB	10,05	5,13	15,08	2,10	8,50	19,49	19,92**
CFA	21,96	11,71	32,87	4,35	8,79	18,19	83,58**
LFA	12,78	5,70	20,83	3,18	9,39	23,36	46,05**
CPE	16,01	5,81	25,75	4,66	15,76	24,00	80,24**
CME	21,53	5,51	40,41	8,18	21,16	32,24	262,03**
DME	2,62	1,42	3,99	0,60	9,33	21,29	1,62**

** - significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

Os resultados do teste de agrupamento de Scott-Knott encontram-se na Tabela 2. Verifica-se que para a característica CFB, os genótipos foram separados em cinco grupos, em que o acesso BRA 012122 foi o que apresentou a maior média para esta característica, ficando isolado no primeiro grupo. Para LFB cinco grupos foram estabelecidos, estando os acessos BRA 040550, BRA 040550* e BRA 013251 no primeiro grupo, com folíolos mais largos. Para a característica CFA, foram formados quatro grupos, em que somente o acesso BRA 012122 ficou no primeiro grupo apresentando a maior média para esta característica. Em relação à LFA, quatro grupos foram formados, estando os acessos BRA 012122, BRA 040550, BRA 040550* e BRA 013251 com as maiores médias. Para CPE, quatro grupos foram estabelecidos, onde ficaram no primeiro grupo, os acessos BRA 012122, BRA 030601, BRA 040550* e BRA 030325, e o acesso BRA 029220 ficou no grupo quatro com a menor média. Em relação ao CME, houve a formação de três grupos, onde ficaram no primeiro grupo os acessos BRA 039985, BRA 031828, BRA 014982, BRA 035076, BRA 038857, BRA 030384, BRA 040550 e BRA 040550*, e os acessos BRA 012122, BRA 030601 e BRA 039772 foram alocados no último grupo com as menores



médias. Para a característica DME, quatro grupos foram estabelecidos, ficando os acessos BRA 040550, BRA 040550* e BRA 013251 no primeiro grupo com as maiores médias. Verifica-se que o acesso BRA 040550 alcançou médias superiores em cinco características LFB, LFA, CPE, CME e DME, e o acesso BRA 029220 foi o que apresentou as menores médias, diferenciando-se dos demais genótipos para todas as características com exceção do CME, evidenciando sua elevada distância genética em relação aos genótipos avaliados. Os sete caracteres, em conjunto, foram capazes de discriminar 83% dos genótipos, verificando-se que apenas os acessos BRA 031828, BRA 035076 e BRA 038857 não foram diferenciados com base nas características avaliadas.

Foram observadas correlações de alta magnitude e significativas ($P < 0,01$) entre as características: CFA e CFB (0,98); LFA e LFB (0,97); LFA e CFA (0,89); DME e LFB (0,88); DME e LFA (0,88); LFA e CFB (0,87); CFA e LFB (0,83); CPE e CFB (0,83); LFB e CFB (0,83); CPE e CFA (0,77); CPE e LFB (0,74) e CPE e LFA (0,73).

Tabela 2 Médias de 18 genótipos de amendoim forrageiro avaliados quanto aos caracteres morfológicos: comprimento do folíolo basal (CFB), largura do folíolo basal (LFB), comprimento do folíolo apical (CFA), largura do folíolo apical (LFA), comprimento do pecíolo (CPE), comprimento médio do entrenó (CME) e diâmetro médio do entrenó (DME).

BRA	Espécie	CFB	LFB	CFA	LFA	CPE	CME	DME
		mm						
039985	<i>A. pintoi</i>	21,19c	10,42b	23,64b	13,35b	16,81b	31,75a	2,61c
029220	<i>A. repens</i>	11,91e	5,52e	12,83d	6,01d	6,99d	15,4b	1,65d
012122	<i>A. pintoi</i>	27,34a	11,45b	30,33a	16,79a	22,56a	11,64c	2,73b
014982	<i>A. pintoi</i>	21,95c	11,22b	25,06b	14,16b	17,88b	31,2a	2,88b
030325	<i>A. pintoi</i>	19,19c	10,49b	20,06c	12,35b	19,51a	17,49b	2,52c
030601	<i>A. pintoi</i>	23,71b	11,51b	25,74b	14,19b	22,03a	10,41c	2,40c
031828	<i>A. pintoi</i>	19,98c	10,04b	22,51b	12,93b	15,41c	31,57a	3,13b
039772	<i>A. pintoi</i>	16,04d	8,31c	16,99c	9,80c	14,63c	8,47c	1,85d
040045	<i>A. pintoi</i>	20,15c	10,21b	23,95b	13,88b	15,95b	20,15b	2,53c
012106	<i>A. repens</i>	16,47d	7,31d	19,00c	9,21c	14,56c	20,85b	1,97d
029190	<i>A. repens</i>	17,43d	8,71c	19,21c	10,55c	10,97c	18,90b	2,23c
029203	<i>A. repens</i>	16,37d	7,54d	18,55c	8,87bc	16,24b	18,77b	2,00d
035076	<i>A. pintoi</i> x <i>A. repens</i>	20,21c	10,74b	23,30b	13,64b	13,79c	28,17a	2,82b
038857	<i>A. pintoi</i> x <i>A. repens</i>	20,14c	10,44b	23,64b	13,84b	12,35c	27,70a	3,06b
030384	<i>A. pintoi</i>	15,89d	8,91c	17,77c	10,96c	11,62c	27,67a	2,30c
040550	<i>A. pintoi</i>	22,73c	13,09a	25,76b	16,58a	20,19a	23,64a	3,47a
040550*	<i>A. pintoi</i>	19,68c	12,44a	22,28b	16,73a	17,97b	23,47a	3,59a
013251	<i>A. pintoi</i>	21,11c	12,48a	24,60b	16,24a	18,69b	20,39b	3,41a

Observação: Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo agrupamento, conforme teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. *Plantado por semente

Conclusões

Existe variabilidade para as características morfológicas avaliadas entre genótipos de amendoim forrageiro no Acre, os quais apresentam grande potencial a ser explorado em programas de melhoramento genético.

Literatura citada

AZEVEDO, J.M.A. de; ASSIS, G.M.L. de; VALENTIM, et al. Variabilidade genotípica de características florais de acessos do Banco Ativo de Germoplasma do Amendoim Forrageiro. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECHNIA, 44., 2008. Lavras, MG. *Anais...* Minas Gerais: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2008. (CD-ROM).

CRUZ, C.D. **Programa Genes**: Análise multivariada e simulação. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. 175p.