



**Divergência genética entre genótipos de amendoim forrageiro em relação a caracteres agrônômicos e bromatológicos avaliados na época seca<sup>1</sup>**

**Giselle Mariano Lessa de Assis<sup>2</sup>, Ana Paula Morais Menezes<sup>3</sup>, José Marlo Araújo de Azevedo<sup>4</sup>, Hellen Sandra Freires da Silva Azevedo<sup>5</sup>, Marcela Mataveli<sup>6</sup>, Márcia Silva de Mendonça<sup>7</sup>**

<sup>1</sup>Parte do mestrado da segunda autora, financiado pela Capes, Embrapa e Unipasto

<sup>2</sup>Pesquisadora da Embrapa Acre. E-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

<sup>3</sup>Mestre em Produção Vegetal da UFAC. E-mail: anapaulamorais18@hotmail.com

<sup>4</sup>Doutorando da Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal da UFAC. E-mail: m.marlo@yahoo.com.br

<sup>5</sup>Mestranda em Ciência, Tecnologia e Inovação da UFAC. Bolsista da Capes. E-mail: hellen@cpafac.embrapa.br

<sup>6</sup>Analista da Embrapa Acre. E-mail: marcela@cpafac.embrapa.br

<sup>7</sup>Graduanda em Ciências Biológicas na União Educacional do Norte. E-mail: marcia.mendonca2@gmail.com

**Resumo<sup>a</sup>:** Este trabalho teve como objetivo estudar a divergência genética entre genótipos de amendoim forrageiro em relação a características agrônômicas e bromatológicas avaliadas no período seco. O estudo foi realizado a partir de genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Amendoim Forrageiro na Embrapa Acre. Foram utilizados 18 genótipos de amendoim forrageiro, sendo 12 da espécie *A. pintoi*, quatro da espécie *A. repens* e dois híbridos interespecíficos de *A. pintoi* x *A. repens*. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso com cinco repetições. A análise de variância foi realizada para todas as características e, posteriormente, o estudo da divergência genética foi obtido pelo método de otimização de Tocher. A medida de dissimilaridade utilizada nas análises de agrupamento foi a distância generalizada de Mahalanobis. Verificou-se que não houve um padrão no agrupamento com base nas espécies utilizadas. Concluiu-se que: (i) existe variabilidade genética para todas as características, exceto para praga; (ii) no estudo de divergência genética do amendoim forrageiro, as características que apresentam maior contribuição relativa foram proteína bruta e altura média; (iii) os agrupamentos estabelecidos podem auxiliar o melhorista na escolha dos genitores e cruzamentos a serem realizados nos programas de melhoramento genético do amendoim forrageiro.

**Palavras-chave:** análise multivariada, *Arachis pintoi*, *Arachis repens*, melhoramento genético, Tocher

**Genetic divergence among genotypes of forage peanut in relation to agronomic and bromatological traits in the dry season**

**Abstract:** The objective of this work was to study genetic divergence of forage peanut in relation to agronomic and bromatological traits in the dry season. This study was carried out from genotypes of Forage Peanut Active Germoplasm Bank located at Embrapa Acre. Eighteen genotypes of forage peanut were used, 12 genotypes of *A. pintoi*, four genotypes of *A. repens* and two interspecific hybrids of *A. pintoi* x *A. repens*. Random block design with five replicates was used. All traits were submitted to analyses of variance and later, study of genetic divergence was done by using Tocher's optimization method. Dissimilarity measure used in cluster analysis was the generalized distance of Mahalanobis. It was not found pattern in the cluster based on species used, according to the results. It is concluded that (i) there is genetic variability for all traits, except for pest; (ii) the traits which presented most relative contribution in the study of genetic divergence of forage peanut are crude protein and average height; (iii) the established cluster may help the breeder to choose parents and crossings in programs of genetic improvement of forage peanut.

**Keywords:** *Arachis pintoi*, *Arachis repens*, genetic improvement, multivariate analysis, Tocher's optimization

**Introdução**

Entre as leguminosas forrageiras tropicais, o amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* Krapov. & W.C. Gregory e *Arachis repens* Handro) se destaca por manter associações estáveis com gramíneas agressivas sob pastejo intensivo. Aproximadamente 150 genótipos de amendoim forrageiro já foram coletados, sendo importante a obtenção de informações sobre a variabilidade e divergência genética entre os genótipos para características agrônômicas e bromatológicas, visando o melhoramento genético dessas espécies (Assis & Valentim, 2009). O estudo da divergência em diferentes épocas do ano é importante devido à influência diferenciada do ambiente na expressão das características. A avaliação da diversidade genética pela análise multivariada apresenta a vantagem de considerar a influência simultânea de um conjunto de caracteres na determinação da diversidade, aumentando a possibilidade de êxito na seleção de progenitores (Cruz et al., 1994). Este trabalho teve como objetivo estudar a



divergência genética entre genótipos de amendoim forrageiro em relação a características agrônômicas e bromatológicas, no período seco do ano.

#### Material e Métodos

O estudo foi realizado a partir de genótipos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Amendoim Forrageiro localizado na Embrapa Acre, situada no município de Rio Branco (AC). Foram avaliados 18 genótipos de amendoim forrageiro, sendo 12 da espécie *A. pintoi*, quatro da espécie *A. repens* e dois híbridos provenientes do cruzamento interespecífico de *A. pintoi* x *A. repens*. O experimento foi implantado em um Latossolo Vermelho em novembro de 2008 em delineamento de blocos ao acaso com cinco repetições, sendo cada parcela formada por uma área total de 4 m<sup>2</sup>. Para a formação das parcelas foram utilizados dois estolões com cerca de 25 cm de comprimento ou três sementes por cova, totalizando 25 covas por parcela, distribuídas em 5 fileiras, utilizando o espaçamento de 0,5 m entre plantas. A área de amostragem compreendeu a parte central da parcela, ficando 0,5 m em cada extremidade como bordadura, resultando em uma área útil de 1,0 m<sup>2</sup>.

A adubação da área experimental foi realizada com base na análise de solo. Foram utilizados 50 kg/ha de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, 40 kg kg/ha de K<sub>2</sub>O e 40 kg/ha de FTE BR12. O período de estabelecimento foi de dezembro de 2008 a abril de 2009, quando foi realizado o primeiro corte (uniformização). A partir desse corte foram realizadas as avaliações agrônômicas (a cada três meses) e bromatológicas durante dois anos consecutivos. Durante o período seco, dois cortes foram realizados: um em julho de 2009 e o outro em julho de 2010. Foram avaliadas as seguintes características: produção de matéria seca total (kg/ha); relação folha/caule; taxa de acúmulo de matéria seca total (kg/ha/dia); fibra em detergente neutro (FDN - %); fibra em detergente ácido (FDA - %); proteína bruta (%); lignina (%); hemicelulose (%); celulose (%); ocorrência de pragas e doenças; cobertura do solo (%); altura média do estande (cm); vigor das plantas e florescimento (%).

Para a realização das análises foram utilizadas as médias dos cortes realizados em julho de 2009 e julho de 2010 para os caracteres agrônômicos e, para as características bromatológicas, foram utilizados os resultados do corte do mês de julho de 2010. Foram calculados: os valores mínimo e máximo, as médias, a herdabilidade média (h<sup>2</sup>), o coeficiente de variação experimental (CVe) e o coeficiente de variação genético (CVg) para todas as características avaliadas. Após realizada a análise de multicolinearidade dos dados e descartados os caracteres redundantes, realizou-se o estudo da divergência genética entre genótipos utilizando-se o método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. A contribuição relativa dos caracteres no estudo de divergência foi determinada conforme proposto por Singh (1981). O programa computacional GENES (Cruz, 2006) foi utilizado para a análise estatísticas dos dados.

#### Resultados e Discussão

No período seco, o efeito de genótipos mostrou-se significativo para todas as características, exceto para pragas. A existência de variabilidade genética mostra-se favorável para o estudo de diversidade e indica a possibilidade de melhoramento dessas características.

As características FDN (5,39%), FDA (5,23%) e proteína bruta (6,56%) apresentaram os menores valores de CVe, indicando que esses caracteres foram os menos influenciados pelo ambiente; o maior CVe foi observado para a característica florescimento (54,72%). As características vigor, FDA e proteína bruta apresentaram baixo CVe e alta herdabilidade, indicando que o ambiente pouco influenciou sobre estas características. As características produção matéria seca, taxa de acúmulo, doença, cobertura do solo e altura também apresentaram alta herdabilidade (acima de 85%). As características produção de matéria seca, taxa de acúmulo de MS, doença, vigor, cobertura do solo, altura média e proteína bruta apresentaram a relação CVg/CVe maior que a unidade, refletindo assim uma situação favorável a seleção.

No estudo de divergência genética, foram consideradas as características: produção de matéria seca, relação folha/caule, florescimento, cobertura do solo, altura média, proteína bruta e hemicelulose. A característica praga foi excluída devido à falta de variabilidade entre os genótipos; taxa de acúmulo de MS, doença, vigor, FDN, FDA, celulose e lignina foram excluídas por estarem ocasionando multicolinearidade entre as variáveis.

De acordo com o método de Tocher foram formados seis grupos (Tabela 1). O primeiro grupo foi formado por quatro genótipos, sendo três da espécie *A. repens* e um da espécie *A. pintoi*. O segundo grupo foi formado por nove genótipos, sendo sete da espécie *A. pintoi* e dois híbridos de *A. pintoi* x *A. repens*. O terceiro grupo foi formado por dois genótipos de *A. pintoi*. O quarto, quinto e sexto grupos foram formados por apenas um genótipo cada, representados pelas espécies *A. pintoi*, *A. repens* e *A. pintoi*, respectivamente. A ocorrência de grupos com apenas um genótipo evidencia ampla diversidade, já que os genótipos em grupos unitários são mais dissimilares em relação ao conjunto. De acordo com os resultados obtidos, verifica-se que não houve um padrão no agrupamento com base nas espécies, pois como relatado anteriormente, a maioria dos grupos foi formada por genótipos de espécies distintas. Contudo, houve maior concentração dos genótipos de *A. repens* no primeiro grupo e os dois híbridos ficaram no mesmo grupo, junto com outros genótipos de *A. pintoi*.



**Tabela 1.** Agrupamento entre genótipos de amendoim forrageiro pelo método de Tocher baseado na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) para o período seco.

Grupo	Genótipo
1	BRA 012106 (Ar), BRA 029203 (Ar), BRA 040045 (Ap), BRA 029190 (Ar)
2	BRA 035076 (ApxAr), BRA 013251 (Ap), BRA 040550b (Ap), BRA 030601 (Ap), BRA 038857 (ApxAr), BRA 039985 (Ap), BRA 031828 (Ap), BRA 040550a (Ap), BRA 030384 (Ap)
3	BRA 012122 (Ap), BRA 030325 (Ap)
4	BRA 039772 (Ap)
5	BRA 029220 (Ar)
6	BRA 014982 (Ap)

(Ap): *A. pintoi*; (Ar): *A. repens*; (ApxAr): *A. pintoi* x *A. repens*

O método de otimização de Tocher agrupa os genótipos mantendo-se o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as intergrupos (Cruz, 2006). Desta forma, as características avaliadas podem ser consideradas como eficientes na diferenciação de genótipos de amendoim forrageiro, uma vez que foram formados três grupos com apenas um genótipo, demonstrando que estes apresentaram distâncias de alta magnitude. Verificou-se que as características proteína bruta (22,47%) e altura média (21,67%) foram as que mais contribuíram para a diversidade, e as que menos contribuíram foram hemicelulose (4,71%) e relação folha/caule (6,50%). Estes resultados evidenciam a maior importância da proteína bruta na discriminação dos genótipos no período seco do ano.

### Conclusões

Existe variabilidade genética entre os genótipos avaliados, exceto para a característica praga. As características que apresentaram a relação CVg/CVe superior a unidade são favoráveis à seleção. Os genótipos estudados apresentam divergência genética, permitindo o estabelecimento de grupos distintos. No estudo de divergência genética do amendoim forrageiro no período seco, as características que apresentam maior contribuição relativa são proteína bruta e altura média. A característica hemicelulose pode ser descartada de estudos futuros, por apresentar baixa contribuição relativa. Os agrupamentos estabelecidos através do método de otimização de Tocher podem auxiliar o melhorista na escolha dos genitores e direcionar cruzamentos a serem realizados nos programas de melhoramento genético do amendoim forrageiro.

### Literatura citada

- ASSIS, G.M.L.; VALENTIM, J.F. Forage peanut breeding program in Brazil. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE MELHORAMENTO DE FORRAGEIRAS, 2., Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2009. (CD-ROM).
- CRUZ, C.D. **Programa GENES** – versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Ed. UFV, Viçosa, MG, 2006.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENKOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, v.41, n.234, p.178-182, 1994.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian J. of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

<sup>a</sup> **Como citar este trabalho:** ASSIS, G.M.L.; MENEZES, A.P.M.; AZEVEDO, J.M.A.; AZEVEDO, H.S.F.S.; MATAVELI, M.; MENDONÇA, M.S. Divergência genética entre genótipos de amendoim forrageiro em relação a caracteres agrônômicos e bromatológicos avaliados na época seca. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 49., 2012, Brasília. **Anais...** Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2012. (CD-ROM).