

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**RESISTÊNCIA AO TRIPES-DO-PRATEAMENTO E SELEÇÃO
EM GENÓTIPOS INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM**

Melina Zacarelli Pirotta

Bióloga

2016

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**RESISTÊNCIA AO TRIPES-DO-PRATEAMENTO E SELEÇÃO
EM GENÓTIPOS INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM**

Melina Zacarelli Pirotta

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

**Coorientadores: Dr. Ignácio José de Godoy e
Dr. Marcos Doniseti Michelotto**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)

2016

P672r Pirotta, Melina Zacarelli
Resistência ao tripses-do-prateamento e seleção em genótipos
interespecíficos de amendoim / Melina Zacarelli Pirotta. --
Jaboticabal, 2016
xiii, 86 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016

Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadores: Ignácio José de Godoy, Marcos Doniseti
Michelotto

Banca examinadora: Gustavo Vitti Môro, Ivana Marino Bárbaro
Bibliografia

1. Análise de agrupamento. 2. *Arachis hypogaea* L. 3.
Componentes principais. 4. *Enneothrips flavens*. 5. REML/BLUP. I.
Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:634.58



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: RESISTÊNCIA AO TRIPES-DO-PRATEAMENTO E SELEÇÃO EM GENÓTIPOS
INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM

AUTORA: MELINA ZACARELLI PIROTTA

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

CO-ORIENTADOR: IGNÁCIO JOSÉ DE GODOY

CO-ORIENTADOR: MARCOS DONISETI MICHELOTTO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Pesquisadora IVANA MARINO BÁRBARO TORNELI
Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios - APTA / Colina/SP

Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÓRO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 25 de maio de 2016.

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Melina Zacarelli Pirotta – filha de Antônio Paulo Pirotta e Silmara Cristina Zacarelli, nasceu no município de Catanduva, SP em 19 de dezembro de 1988. Iniciou o curso de Ciências Biológicas no Instituto Municipal de Ensino Superior de Catanduva (IMES – Catanduva) no primeiro semestre de 2008, obtendo o grau de licenciatura plena em 2010 e bacharelado em 2013. Nos anos de 2009 a 2013, realizou estágio supervisionado na Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Polo Regional Centro Norte em Pindorama, SP. Nos anos de 2009 e 2010 foi bolsista da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) e, de 2011 a 2013 foi bolsista de Aperfeiçoamento Técnico da Fundação de Apoio à Pesquisa Agrícola (FUNDAG) no Centro de Análise e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Grãos e Fibras do Instituto Agronômico de Campinas (IAC). No decorrer dos estágios auxiliou no desenvolvimento de projetos científicos nas áreas de Ciências Biológicas e Agronomia. Em 2014 ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Câmpus de Jaboticabal, sob orientação da Professora Dra. Sandra Helena Unêda –Trevisoli e coorientação dos Drs. Ignácio José de Godoy e Marcos Doniseti Michelotto, como bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), possibilitando a elaboração deste trabalho.

“ Desejo que você:

Não tenha medo da vida, tenha medo de não vivê-la.
Não há céu sem tempestades, nem caminhos sem acidentes.

Só é digno do pódio quem usa as derrotas para alcançá-lo.
Só é digno da sabedoria quem usa as lágrimas para irrigá-la.

Os frágeis usam a força; os fortes, a inteligência.

Seja um sonhador, mas una seus sonhos com disciplina,
Pois sonhos sem disciplina produzem pessoas frustradas.

Seja um debatedor de ideias. Lute pelo que você ama! ”

Augusto Cury

Dedico

A Deus, pela existência.

À minha família, pelo carinho, amor, apoio e dedicação.

Por eles tenho eterna gratidão.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus.

Aos meus amados pais, Antônio Paulo Pirotta e Silmara Cristina Zacarelli, e irmão Paulo Marcel Zacarelli Pirotta, por todo amor, carinho, apoio e incentivo dedicados a mim.

Aos meus queridos avós Antônio Carlos Zacarelli e Hermínia Carvalho Zacarelli, pelo grande exemplo de vida e por sempre terem acreditado em mim.

À Universidade Estadual Paulista - FCAV/Unesp, Câmpus de Jaboticabal e ao Departamento de Produção Vegetal pela estrutura e oportunidade de realização do curso de mestrado.

À minha orientadora professora Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela orientação com muito profissionalismo e competência, pelos conhecimentos fornecidos, dedicação, compreensão e amizade sem os quais não seria possível a realização deste trabalho.

Aos meus coorientadores Dr. Ignácio José de Godoy (Pesquisador Científico do Instituto Agrônômico de Campinas) e Dr. Marcos Doniseti Michelotto (Pesquisador Científico da Apta, Polo Regional Centro Norte) pelas valiosas sugestões, ensinamentos e contribuições no desenvolvimento deste trabalho, além da grande amizade dedicada.

À Alessandra Pereira Fávero (Pesquisadora Científica da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) pelo fornecimento das sementes do cruzamento que deram origem às populações segregantes estudadas no presente trabalho.

A todos os docentes do programa de Genética e Melhoramento de Plantas e todos os professores do Departamento de Produção Vegetal pelos ensinamentos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

Ao diretor da Apta, Polo Regional Centro Norte, Dr. Antônio Lúcio Mello Martins pela colaboração e autorização para implantação do experimento na unidade de pesquisa, no município de Pindorama, SP.

Aos estagiários da Apta, Polo Regional Centro Norte que participaram ativamente de todas as fases que envolveram este trabalho, agradeço pela ajuda, amizade e companheirismo. Deixo meus agradecimentos a Tamiris Marion de Souza, Isabela Fiocchi, Rômulo Sensuline Valaretto, Luiz Eduardo Prado Lamana, André Luis Menezes Sales, Lucas Zambelli Migliaccio Miguel, Ludmila de Paula, Mônica Helena Martins e Paulo Sérgio Cordeiro Júnior.

A todos os funcionários da Apta, Polo Regional Centro Norte, em especial aos funcionários de campo pela colaboração na condução dos experimentos.

Aos amigos do Departamento de Produção Vegetal, Fabiana, Elise, Bruno, Amanda, Aretha, Alysson, Wallace, Cleber, Éder, Eduardo, Daniel, Suelen e Anália.

À amiga Fabiana Mota da Silva pela colaboração nas análises estatísticas, amizade e companheirismo.

Aos grandes amigos de todos os momentos Willians César Carrega, Tamiris Marion de Souza, Beatriz Cristina Zacarelli e Jaqueline Campos Jordão, obrigada pela amizade, companheirismo, conversas e conselhos nos momentos de dificuldade.

Aos membros da banca de qualificação professor Dr. Rinaldo César de Paula e professor Dr. Antônio Carlos Busoli pelas contribuições e auxílios fornecidos.

Aos membros da banca de defesa professor Dr. Gustavo Vitti Môro e Dra. Ivana Marino Bárbaro-Torneli pelas valiosas contribuições.

A todos que contribuíram para a realização deste trabalho de forma direta ou indireta, muito obrigada.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	xii
ABSTRACT	xiii
 CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	 1
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 A cultura do amendoim e sua importância econômica	3
2.2 O gênero <i>Arachis</i> L.	4
2.3 Potencial da exploração do germoplasma silvestre de <i>Arachis</i> e a introgressão de genes visando resistência	6
2.4 O tripses-do-prateamento (<i>Enneothrips flavens</i> , Moulton) e as possibilidades de resistência em germoplasma silvestre	10
2.5 Análise multivariada	12
2.5.1 Análise de componentes principais	13
2.5.2 Análise de agrupamentos.....	15
2.5.2.1 Análise de agrupamento pelo método de Ward	16
2.5.2.2 Análise de agrupamento pelo método <i>K-means</i>	17
3 REFERÊNCIAS.....	18
 CAPÍTULO 2 - RESISTÊNCIA AO <i>Enneothrips flavens</i> Moulton (Thysanoptera: Thripidae) E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM GENÓTIPOS INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM.....	 30
RESUMO.....	30
1 INTRODUÇÃO	31
2 MATERIAL E MÉTODOS	32
2.1 Local do experimento	32
2.2 Obtenção e condução das progênies segregantes	33
2.3 Caracteres avaliados.....	36
2.4 Análises estatísticas e genéticas.....	37

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	40
4 CONCLUSÕES	51
5 REFERÊNCIAS.....	52

CAPÍTULO 3 - SELEÇÃO DE GENÓTIPOS INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM PARA RESISTÊNCIA AO TRIPES-DO-PRATEAMENTO POR MEIO DE ANÁLISES MULTIVARIADAS		58
RESUMO.....		58
1 INTRODUÇÃO		59
2 MATERIAL E MÉTODOS		60
2.1 Local do experimento		60
2.2 Obtenção e condução das progênies segregantes		61
2.3 Caracteres avaliados.....		64
2.4 Análises multivariadas.....		65
2.4.1 Análise de componentes principais		66
2.4.1.1 Cálculo da variância contida em cada componente principal		67
2.4.1.2 Correlação dos caracteres com os componentes principais.....		67
2.4.2 Análise de agrupamento pelo método hierárquico		68
2.4.2.1 Distância Euclidiana.....		68
2.4.2.2 Análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward		68
2.4.3 Análise de agrupamento pelo método não-hierárquico de K-means.....		70
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....		70
4 CONCLUSÕES		80
5 REFERÊNCIAS.....		80
CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....		86

RESISTÊNCIA AO TRIPES-DO-PRATEAMENTO E SELEÇÃO EM GENÓTIPOS INTERESPECÍFICOS DE AMENDOIM

RESUMO - O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma cultura oleaginosa de grande importância para o agronegócio brasileiro. Um dos principais fatores que afetam sua produção é a incidência de pragas, com destaque para o tripses-do-prateamento, *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae). Têm-se sugerido que genes que condicionam a resistência genética a esta praga, podem ser encontrados em outras espécies do gênero *Arachis* L. Entretanto, a utilização de espécies silvestres no melhoramento, torna-se dificultada por barreiras de esterilidade, sendo a maioria devido às diferenças de constituição do genoma e de ploidia. Para contornar essa incompatibilidade, sugeriu-se a obtenção de anfidiplóides, resultantes do cruzamento de espécies diploides, seguido da duplicação de seus cromossomos, para então cruzá-los com o amendoim cultivado. Mediante o exposto, este trabalho teve como objetivos estudar o potencial de resistência ao tripses-do-prateamento em populações segregantes iniciais do cruzamento envolvendo a cultivar comercial IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, monitorar os caracteres indicadores de proximidade agrônômica dos segregantes interespecíficos com genótipos da espécie cultivada, bem como a seleção de genótipos superiores por meio de análises uni e multivariadas. Os experimentos foram conduzidos no esquema de blocos aumentados de Federer com testemunhas intercalares em duas gerações: F₃, conduzida no ano agrícola de 2013/14 e F₄, conduzida em 2014/15, sob infestação natural do inseto. A resistência ao tripses foi avaliada por meio de sua infestação e pelos sintomas de injúrias causadas pelo inseto. Foram avaliados também, alguns componentes de produção como indicadores da proximidade dos genótipos segregantes ao cultivado. Para estes caracteres, foram utilizadas as estimativas dos componentes genéticos, ganho genético e predição dos valores genéticos, calculados via modelos mistos (REML/BLUP). Para as análises multivariadas foram utilizadas as técnicas de componentes principais, análise de agrupamento hierárquico e não hierárquico com os dados das progênies de geração F₄. Os resultados deste trabalho demonstram que as análises univariada e multivariada foram eficientes na seleção das melhores progênies, evidenciando a superioridade agrônômica das mesmas, quanto aos componentes de produção e de resistência ao tripses. Porém, apesar de algumas progênies segregantes selecionadas como resistentes apresentarem bons componentes de produção, seu grau de adequação agrônômica aos genótipos *A. hypogaea* L. ainda é pequeno. Assim, a identificação de progênies com resistência ao tripses geneticamente próximas às espécies do gênero *Arachis* L., constitui interessante fonte para estratégias futuras de introgressão gênica, podendo para isso, ser utilizado o método dos retrocruzamentos para inserção dos genes desejáveis de resistência e consequente recuperação dos genótipos adaptados, obtendo-se ao final do processo seletivo, cultivares comerciais portadoras de resistência ao tripses e com caracteres agrônômicos e comerciais superiores.

Palavras-chave: análise de agrupamento, *Arachis hypogaea* L., componentes principais, *Enneothrips flavens*, REML/BLUP

RESISTANCE TO THRIPS AND SELECTION IN INTERSPECIFIC GENOTYPES OF PEANUT

ABSTRACT - The peanut (*Arachis hypogaea* L.) is an oilseed crop of great importance for Brazilian agribusiness. One of the main factors affecting its production is pests incidence, mainly thrips, *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae). There have suggested that genetic resistance to this pest can be found in other species of the genus *Arachis* L. However, the use of wild species in breeding was hampered by sterility barriers, mostly due to differences in the genome constitution and ploidy. To work around this incompatibility, it was suggested obtaining amphidiploid, resulting from the crossing of diploid species, followed by duplication its chromosomes, and then cross them with cultivated peanut. Through the above, this study aimed to study the potential for resistance to thrips in early segregating populations crossing involving commercial cultivar IAC 503 and synthetic amphidiploid (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, monitor the agronomic traits proximity indicators of interspecific segregating with cultivated species, as well as the selection of superior genotypes using univariate and multivariate analyses. The experiments were conducted on the Federer augmented blocks with additional checks in two generations: F₃, conducted in the agricultural year of 2013/14 and F₄, conducted in 2014/15, under natural insect infestation. The thrips resistance was evaluated by its infestation, and the symptoms of injuries caused by insects. It was also evaluated, some production components such as proximity indicators of segregating the genotypes grown. To do so, estimates were used genetic components, genetic gain and prediction of breeding values calculated by mixed models (REML/BLUP). For multivariate analyses were used progenies in F₄ generation, through technique principal components and cluster analysis. The results show that the univariate and multivariate analyses were effective in selection the best progenies, demonstrating the agronomic superiority of the same, as the components of production and resistance to thrips. However, despite some segregating progenies selected as resistance present good production components, the degree of agronomic suitability to the genotype *A. hypogaea* L. is still small. Thus, the identification of progenies with genetic resistance to thrips next to genus *Arachis* L. is an interesting source for future strategies of gene introgression, using the backcrossing method for insertion desirable genes of resistance and posteriorly recovery of adapted genotypes, getting to the end of the selective process, commercial cultivars with thrips resistance and good agronomic traits.

Keywords: cluster analysis, *Arachis hypogaea* L., principal components, *Enneothrips flavens*, REML/BLUP

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1 INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma espécie cujo gênero ocorre naturalmente em cinco países da América do Sul, inclusive no Brasil. O gênero *Arachis* compõe uma diversidade com mais de 80 espécies já identificadas (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS; SIMPSON, 2005).

Esta oleaginosa representa, a nível mundial, uma importante fonte de proteína e óleo, sendo que seu impacto econômico se deve principalmente à sua grande diversidade de formas de consumo (SANTOS et al., 1997). Os grãos possuem teores de óleo e proteína em torno de 45-50% e 20-25%, respectivamente (GODOY et al., 2005), além de grande quantidade de vitaminas e compostos antioxidantes. Atualmente, é a quinta oleaginosa mais produzida no mundo, juntamente com a soja (*Glycine max* L.), a colza (*Brassica napus* L.), o algodão (*Gossypium hirsutum* L.) e o girassol (*Helianthus annuus* L.) (USDA, 2016).

Uma das limitações da sua produção é o seu alto custo agrícola em função da necessidade do controle químico intensivo de pragas e doenças. Assim, a busca por cultivares resistentes é a forma mais adequada de redução de custo, tornando a cultura mais rentável e com maior sustentabilidade ambiental (GODOY et al., 2005).

Entre as pragas que ocorrem no Brasil, o tripses-do-prateamento, *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae), é considerado praga-chave da cultura, em função dos prejuízos causados, ocorrência generalizada e elevados níveis populacionais (CALCAGNOLO; LEITE; GALLO, 1974; GALLO et al., 2002). Alguns trabalhos envolvendo cultivares atuais têm sugerido restrita variabilidade para resistência ou tolerância a este inseto (BOIÇA JÚNIOR et al., 2012; PEROZINI; SILVA; GOUSSAIN, 2014), fato que dificulta o processo de seleção de genótipos superiores para este caráter.

Na tentativa de suprimir o uso excessivo de inseticidas no controle químico de pragas na cultura do amendoim, novas alternativas vêm sendo investigadas, principalmente em um momento que se discute muito a produção integrada rumo a uma agricultura sustentável. Neste contexto, a resistência genética é a alternativa de

maior interesse.

Desse modo, tem-se sugerido que a resistência genética, mais eficaz, pode ser encontrada em outras espécies do gênero *Arachis* L. (WYNNE; HALWARD, 1989). Entretanto, a utilização de espécies silvestres no melhoramento, muitas vezes é dificultada por barreiras de esterilidade, sendo a maioria devido às diferenças de constituição genotípica e de ploidia (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011). Assim, uma possibilidade constitui-se na utilização de estratégias de pré-melhoramento, ou seja, a prospecção de resistência no germoplasma silvestre e a introgressão dos genes de interesse na espécie cultivada, gerando genótipos intermediários ou “germoplasma melhorado”, portadores de resistência. Esses genótipos, com a resistência incorporada, tornar-se-ão uma valiosa fonte genética a ser utilizada no melhoramento propriamente dito, e no desenvolvimento de cultivares resistentes.

Trabalhos de pré-melhoramento, envolvendo cruzamentos de *A. hypogaea* L. com germoplasma silvestre vêm sendo realizados no Brasil (FÁVERO et al., 2006, 2009; JANINI et al., 2010; MICHELOTTO et al., 2015; SANTOS et al., 2011, 2013). Um dos cruzamentos realizados envolveu uma cultivar elite do Instituto Agronômico de Campinas, IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}. Este anfidiplóide tem sido estudado devido a sua resistência ao tripses-do-prateamento por possuir *A. cardenasii* como um de seus genitores silvestres, sendo esta espécie citada na literatura como fonte de resistência a diversos agentes bióticos constituindo-se um importante germoplasma para uso no melhoramento genético do amendoim (HOLBROOK; STALKER, 2003).

Com relação aos avanços com o processo seletivo, as técnicas univariadas e multivariadas de análises de dados podem acelerar o progresso do melhoramento genético da cultura do amendoim, devido a possibilidade de predição de ganhos mais precisos, por meio da aplicação de metodologias eficientes no processo seletivo de genótipos resistentes, promovendo avanços importantes para a cultura.

Este trabalho, portanto, embasa-se nesta estratégia, e propõe estudar o potencial de resistência ao tripses-do-prateamento em populações segregantes iniciais do cruzamento envolvendo *A. cardenasii* como fonte de resistência a este inseto, monitorar os caracteres indicadores de proximidade agronômica dos segregantes interespecíficos com genótipos da espécie cultivada, bem como realizar a seleção de

genótipos superiores por meio de análises univariadas e multivariadas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura do amendoim e sua importância econômica

O amendoim pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, gênero *Arachis*, sendo a forma cultivada, *Arachis hypogaea* L. (1753) (JUDD et al., 2009), destacando-se por seu valor econômico e por ter sido a primeira espécie descrita do gênero.

A projeção para a produção mundial no ano agrícola de 2015/16 é de aproximadamente 40,6 milhões de toneladas sendo os principais produtores a China (41%), Índia (12%), Nigéria (8%) e Estados Unidos (7%). Neste cenário, o Brasil ocupa a décima sexta posição (1%), no entanto, possuiu a quinta maior produtividade ($3,00 \text{ t ha}^{-1}$) (USDA, 2016). De 1950 a 1970, o Brasil produziu amendoim em larga escala, para a fabricação de óleo visando aproveitamento culinário. Com a expansão da soja no mercado internacional, a cultura do amendoim teve seu volume de produção reduzido, sendo parte destinada à indústria de doces e confeitos (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

No final da década de 1990, o Brasil registrou um crescimento da área cultivada, bem como de sua produção, abastecendo o seu mercado interno e tornando-se também exportador do produto *in natura*. Nos últimos anos, a quantidade exportada de amendoim situou-se entre 60 e 80 mil toneladas anuais de grãos (IEA, 2015).

A estimativa de produção brasileira para o ano agrícola de 2015/16 é de aproximadamente 413 mil toneladas e está concentrada no Estado de São Paulo, onde o cultivo é realizado principalmente em áreas arrendadas, em esquema de sucessão e rotação para a reforma de canaviais. A área de plantio pode ocupar cerca de 109 mil hectares (primeira e segunda safras), com produção estimada em 385 mil toneladas do produto em casca (CONAB, 2016). Com a modernização tecnológica do sistema de produção agroindústria e ampliação do mercado consumidor, essa cultura vem despertando o interesse de agricultores tecnificados em outras regiões do País como Bahia, Minas Gerais, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul.

Um segundo mercado que volta a ser interessante para o amendoim é o de óleo, em função de excedentes da produção para confeitaria, da valorização desse produto no mercado externo e, segundo projeções, do desenvolvimento de projetos para a utilização de óleos vegetais como biocombustível (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011). O alto teor de óleo (45-50%) nas sementes situa esta espécie como uma das mais eficientes produtoras de óleo entre as culturas anuais. Segundo Knothe (2005), o óleo de amendoim é um dos mais indicados na produção de biodiesel, pois os ácidos oleico e linoleico constituem 80% dos ácidos graxos presentes, o que confere maior estabilidade ao biocombustível puro e às misturas, além de melhorar a combustão em motores de ciclo diesel.

2.2 O gênero *Arachis* L.

O gênero *Arachis* L. é endêmico da América do Sul ocupando áreas que abrangem desde o Nordeste do Brasil, até os Andes (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994). Este gênero conta com 81 espécies descritas, sendo que 64 espécies ocorrem no Brasil, 18 na Bolívia, 16 no Paraguai, seis na Argentina e duas no Uruguai, sendo que 46 delas são exclusivas do Brasil (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS; SIMPSON, 2005; VALLS; COSTA; CUSTODIO, 2013).

Baseados na morfologia, distribuição geográfica e na viabilidade de cruzamentos, o gênero *Arachis* L. encontra-se dividido em nove seções taxonômicas: *Arachis*, *Caulorrhizae*, *Erectoides*, *Extranervosae*, *Heteranthae*, *Procumbentes*, *Rhizomatosae*, *Triectoides* e *Triseminatae* (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS; SIMPSON, 2005; VALLS; COSTA; CUSTODIO, 2013). Para as atividades de pré-melhoramento, a seção mais importante é a *Arachis*, que engloba 30 espécies silvestres – mais próximas ou distantes do amendoim cultivado – e a espécie cultivada *A. hypogaea* L. (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011; LEAL-BERTIOLI et al., 2015).

As espécies deste gênero podem ser anuais, bianuais ou perenes, podendo ser eretas, decumbentes ou procumbentes, ou ainda rizomatosas ou estoloníferas. O sistema radicular é axonomorfo, com ramificações ou nós. As folhas são quadrifolioladas ou trifolioladas, com espículas parcialmente soldadas ao pecíolo. Os folíolos podem ser desde suborbiculares a lanceolados. As flores são sésseis,

hermafroditas e geralmente apresentam estrutura reprodutiva em forma de quilha permitindo que a planta seja autopolinizável (autogamia), com baixa porcentagem de cruzamentos naturais (alogamia), sua corola apresenta coloração alaranjada ou amarela (SANTOS; GODOY, 1999). O fluxo gênico é considerado muito limitado e circunscrito a pequenas populações passivas de agentes polinizadores (NIGAM; RAO; GIBBONS, 1999).

Uma peculiaridade que distingue os membros deste gênero de outros da família, é a presença do ginóforo (“peg” – do latim *paxillus* – ou esporão na linguagem popular), que é uma estrutura de frutificação formada após a polinização e subsequente murcha do perianto, resultante da expansão de um meristema intercalar situado abaixo do óvulo basal (SANTOS; GODOY, 1999). Os frutos são geocárpicos com 1 a 5 sementes e catenados, isto é, frutos cujas sementes são separadas uma da outra por contração muito profunda ou um istmo. As sementes são lisas, com tegumento rosado pálido (em espécies silvestres) ou variando do vermelho ao preto (principalmente em espécies cultivadas) (JOLY, 1979; KRAPOVICKAS; GREGOCRY, 1994).

Muitas espécies são diploides ($2n = 2x = 20$), três são aneuploides ($2n = 2x = 18$) e duas são alotetraploides ($2n = 4x = 40$) (*A. hypogaea* L. e *A. monticola*) (LEAL-BERTIOLI et al., 2015). Até pouco tempo, a seção *Arachis* revelava a presença de três genomas distintos, denominados de genoma A, B e D. Husted (1933, 1936) estudou a morfologia dos cromossomos de amendoim, constatando a presença de dois pares muito diferenciados. O primeiro apresentava uma constrição secundária, sendo denominado “par B”. O segundo era nitidamente menor que os demais e apresentava-se bem menos corado antes da metáfase, sendo denominado “par A”. Observou também, a presença do padrão bivalente de pareamento dos cromossomos, com ocasional formação de tetravalentes confirmando, assim, a condição alotetraploide de *A. hypogaea* L. A fórmula genômica “AABB” tem sido utilizada para fazer referência aos dois genomas originais, o primeiro caracterizado pela presença do par de cromossomos menor, denominado par “A” (VALLS, 2013).

Smartt, Gregory e Gregory (1978), sugeriram que a presença de somente um par “A” seria uma forte indicação de diferenciação entre os dois genomas do amendoim, podendo ser considerado um marcador genômico presente em algumas

espécies silvestres e ausente em outras. Denominam-se espécies de genoma “A” aquelas pertencentes à seção *Arachis* e possuidoras do par de cromossomos “A”. Já espécies de genoma “B” são aquelas pertencentes à seção *Arachis*, que não possuem o par “A” e que compartilham o genoma “B” do amendoim cultivado (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

Recentemente, Robledo e Seijo (2010) postularam que o grupo de genoma B deveria ser dividido em grupos *B sensu stricto*, F e K, com base em diferenças no mapeamento de locos de rDNA e na detecção de heterocromatina. Leal-Bertioli et al. (2015) reportaram que o genoma K, apesar de distinto do genoma B, pode comportar-se como tal em cruzamentos envolvendo alotetraploides sintéticos com o amendoim cultivado.

A identificação dos possíveis doadores dos genomas A e B do amendoim tem grande importância teórica e prática. Estudos citogenéticos alinhados com dados de cruzamentos interespecíficos indicam que existe grande possibilidade de que *A. ipaënsis* e *A. duranensis* sejam os possíveis genitores de *A. hypogaea* L., sendo *A. duranensis* o doador do genoma A e *A. ipaënsis*, do genoma B de *A. hypogaea* L. (KOCHERT et al., 1996; SEIJO et al., 2004; FÁVERO et al., 2006).

2.3 Potencial da exploração do germoplasma silvestre de *Arachis* e a introgressão de genes visando resistência

A partir da metade do século 20, o valor das espécies silvestres geneticamente mais próximas ao amendoim cultivado, com maior potencial de uso em seu melhoramento, passou a ser reconhecido e pesquisado, com ênfase crescente na coleta, caracterização e conservação de germoplasma (COELHO; MORETZOHN; VALLS, 2001).

Diversas espécies silvestres de *Arachis* possuem características de interesse ao melhoramento do amendoim cultivado, como resistência a pragas e doenças, tolerância a estresse hídrico, além de ampliar a variabilidade genética do amendoim como um todo (FÁVERO et al., 2001, 2009; PANDE; RAO, 2001; SUBRAHMANYAM; SMITH; SIMPSON, 1985; VARMAN; GANESAN; MOTHILAL, 2000). Há diversos trabalhos publicados que sugerem o grande potencial das espécies silvestres da

seção *Arachis* para resistência a viroses (HERBERT; STALKER, 1981; LYERLY et al., 2002; REDDY et al., 2000; SUBRAHMANYAM et al., 2001), a *Aspergillus flavus* (MEHAN et al., 1992) e aos nematoides *Meloidogyne arenaria* e *M. hapla* (NELSON; SIMPSON; STARR, 1989; STARR; SCHUSTER; SIMPSON, 1990).

Enquanto há um grande número de trabalhos relatando variabilidade do germoplasma silvestre para caracteres de importância agrônômica, os exemplos de sucesso na transferência desses caracteres de outras espécies de *Arachis* para *A. hypogaea* L. são ainda limitados e de passado relativamente recente. Segundo Smartt, Gregory e Gregory (1978), o máximo da resistência a caracteres bióticos só será obtido quando os genes de resistência localizados no genoma “A” e no genoma “B” de espécies silvestres forem introgrididos no amendoim cultivado concomitantemente.

Nas espécies silvestres de *Arachis*, tem-se observado que esse tipo de resistência é frequentemente associada a características indesejáveis, como frutos catenados, ou baixa produção (SINGH; STALKER; MOSS, 1991), refletindo a dificuldade em obter combinações satisfatórias entre características de produtividade, qualidade dos grãos e resistência (HOLBROOK; STALKER, 2003).

Sendo o Brasil um dos Centros de Origem do gênero *Arachis* L., a conservação, caracterização e uso sustentável do germoplasma autóctone deve ser explorado para utilização nos trabalhos de melhoramento do amendoim no país. O Banco Ativo de Germoplasma de Espécies Silvestres de *Arachis* localiza-se na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Embrapa – Cenargen), em Brasília e conta com aproximadamente 1250 acessos desse germoplasma, em sua grande maioria coletados em território brasileiro (MICHELOTTO et al., 2013a).

Atualmente a Embrapa – Cenargen, em parceria com outras instituições nacionais e internacionais, tem desenvolvido atividades de valoração do germoplasma, em que os parentes silvestres e as populações locais são pré-cruzados, com o intuito de tornar os parentes silvestres de amendoim mais acessíveis. O objetivo é retirar via retrocruzamentos, características indesejáveis antes de iniciar os cruzamentos com as variedades. Essa estratégia tem sido denominada pré-melhoramento (SANTOS; GODOY; FÁVERO, 2013).

Tentativas de utilizar esse germoplasma têm sido dificultadas por barreiras de

esterilidade, a maioria devido a diferenças de constituição do genoma e de diferentes ploidias entre *A. hypogaea* L. e as espécies relacionadas, gerando aborto do embrião (COMPANY; STALKER; WYNNE, 1982; GARCIA; STALKER; KOCKERT, 1995; PATTEE; STALKER; GIESBRECHT, 1991; STALKER, 1984).

São usadas diversas estratégias na realização de cruzamentos interespecíficos em *Arachis* (SIMPSON, 1991; SIMPSON; STARR, 2001). Porém, a mais adotada atualmente nos programas de pré-melhoramento, consiste no cruzamento entre uma espécie de genoma “A” com uma de genoma “não A”, gerando um híbrido estéril. Esse híbrido, por sua vez, é posteriormente tetraploidizado com o uso da colchicina, gerando um anfidiplóide fértil. Este é cruzado com uma cultivar de amendoim e retrocruzado várias vezes, até que todos os caracteres de interesse sejam recuperados, mantendo-se as características de interesse da cultivar (SANTOS; GODOY; FÁVERO, 2013). O uso de anfidiplóides “AABB” em cruzamentos com *A. hypogaea* L. é possível e gera híbridos com fertilidade superior quando comparados com híbridos gerados por meio de outras manipulações de ploidia. Os anfidiplóides facilitam, também, a recombinação de caracteres de genomas diferentes (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

A realização dos cruzamentos é muito semelhante à técnica utilizada nas plantas com flores que têm a estrutura reprodutiva protegida por uma quilha, no entanto, como os frutos do amendoim são subterrâneos, os cuidados para confirmação do cruzamento e identificação da vagem são maiores (SANTOS; GODOY; FÁVERO, 2013).

De maneira geral, procede-se a emasculação dos botões florais, retirando-se as sépalas pela abertura ventral do botão, separando-se a asa e o estandarte, para que a quilha fique visível. Puxa-se a quilha para frente expondo-se as anteras, as quais são completamente removidas. A seguir, coleta-se bastante pólen do genitor masculino selecionado, depositando-o delicadamente sobre o estigma da flor do genitor feminino. Marca-se a flor hibridada com uma etiqueta. Como o fruto é subterrâneo, convém marcar o ginóforo logo que ele alcança o solo. O grau de sucesso é bastante variado, situando-se entre 30 e 70%, dependendo da técnica, do operador e das condições ambientais (SANTOS; GODOY, 1999).

Alguns autores recomendam que os trabalhos de hibridação sejam feitos em

dois dias, a emasculação deve ser feita ao fim da tarde, e a polinização na manhã do dia seguinte (NIGAM; RAO; GIBBONS, 1999; NORDEM, 1980). Santos et al. (1994), contudo, recomendam que essas operações sejam realizadas no mesmo dia, no fim da tarde, de modo a reduzir a manipulação das flores e possíveis danos.

A duplicação de cromossomos de células somáticas de híbridos interespecíficos é realizada mediante o tratamento com colchicina a 0,2%, em condições de temperatura de 28°C a 30°C por 8 horas. Já foram obtidos 11 anfidiplóides sintéticos distintos, nome dado ao híbrido estéril de fórmula genômica “A” “não A”, que foi tetraploidizado e de comportamento fértil. Todos os anfidiplóides têm seu número confirmado pela caracterização citogenética, ou seja, 40 cromossomos (SANTOS; GODOY; FÁVERO, 2013).

A cultivar COAN de amendoim foi o primeiro lançamento que usou espécies silvestres em sua genealogia, visando introgridir genes de resistência a nematoides de galhas (*Meloidogyne arenaria* e *M. javanica*) (SIMPSON; STARR, 2001). Essa cultivar foi obtida a partir de cruzamentos entre *A. cardenasii* e *A. diogeni*, seguido da hibridação com *A. batizocoi*, dando origem a um híbrido estéril, que foi poliploidizado. Esse anfidiplóide sintético foi cruzado com *A. hypogaea* L. cv. Florunner, gerando um híbrido registrado como TxAg 6. Os genes para essa resistência provêm de *A. cardenasii*; esta espécie também é encontrada em outras populações segregantes interespecíficas derivadas de seu cruzamento com o amendoim cultivado (GARCIA et al., 1996). Posteriormente foi lançada a cultivar Nematam, seguindo a mesma genealogia.

Arachis cardenasii tem sido relatada como fonte de resistência a diversos agentes bióticos, constituindo importante material para uso no melhoramento genético do amendoim. Stalker e Mozingo (2001) relataram associações de marcadores RAPD com resistência a *Cercospora arachidicola* (mancha castanha) em um híbrido interespecífico que apresentava *A. cardenasii* em sua genealogia.

Stalker e Campbell (1983) avaliaram 49 acessos silvestres e constataram que um dos acessos resistentes a tripes (*Frankliniella fusca*), cigarrinha (*Empoasca fabae*) e lagarta (*Heliothis zea*) foi o acesso GKP 10017 (*A. cardenasii*). Stalker et al. (2002), em cruzamentos do amendoim cultivado com a espécie *A. cardenasii*, selecionaram linhagens intermediárias de melhoramento e portadoras de resistência à mancha

castanha e mancha preta. Holbrook e Stalker (2003) citam ainda outros trabalhos relatando resistência a *Sclerotinia sclerotiorum*, *Cercosporidium personatum* (mancha preta), *Diabrotica undecimpunctata* (larva alfinete) e *Empoasca fabae* (cigarrinha), em híbridos de cruzamentos de *A. hypogaea* L. com *A. cardenasii*.

As pesquisas que visam a utilização de germoplasma silvestre de *Arachis* em programas de melhoramento no Brasil tiveram início em 2000, quando acessos silvestres foram inicialmente avaliados para resistência a mancha-preta (*Cercosporidium personatum*), mancha-castanha (*Cercospora arachidicola*) e ferrugem (*Puccinia arachidis*) (FÁVERO et al., 2001, 2009).

Em pesquisas realizadas no Brasil e em diversos países, no caso das doenças foliares, várias espécies do gênero *Arachis* têm sido consideradas altamente resistentes. No caso das pragas predominantes na região Centro-Sul do Brasil (*Enneothrips flavens* e *Stegasta bosquella*), as pesquisas são mais restritas porque elas são de importância econômica apenas aqui no Brasil. Pesquisas recentes aqui realizadas com essas pragas têm mostrado perspectivas de variabilidade genética para resistência entre acessos do germoplasma silvestre, com destaque ao acesso GKP 10017 (*A. cardenasii*) (MICHELOTTO et al., 2013b).

2.4 O tripses-do-prateamento (*Enneothrips flavens*, Moulton) e as possibilidades de resistência em germoplasma silvestre

Internacionalmente, o número de trabalhos sobre resistência a pragas é menor quando comparado aos trabalhos sobre doenças, e não há relatos sobre resistência ao tripses-do-prateamento, *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae), sendo esta espécie aparentemente restrita à região Centro-Sul da América do Sul.

O gênero *Enneothrips* pertence à família Thripidae e abrange cinco espécies neotropicais, que se alimentam de folhas (MOUND; TEULON, 1995), sendo que a espécie *E. flavens* é encontrada exclusivamente em amendoim (MONTEIRO, 1994).

A migração do tripses-do-prateamento para a cultura ocorre com maior intensidade quando as plantas são pequenas, logo após a emergência e; em áreas de declive e contra o vento, geralmente ocorre maior infestação da praga (SMITH

JÚNIOR; BARFIELD, 1982). Os adultos medem cerca de 2 mm de comprimento. As formas jovens apresentam coloração amarelada sem asas, enquanto os adultos são escuros e possuem asas franjadas.

Esses insetos ficam abrigados nos folíolos jovens e ainda fechados, onde perfuram o tecido para sugar o conteúdo que extravasa das células. São ovíparos, e os ovos são colocados endofiticamente nos folíolos. As formas jovens aparecem 6 dias após a postura e passam por dois estágios ninfais, com dois dias de duração cada (GALLO et al., 2002; NAKANO; SILVEIRA NETO; ZUCCHI, 1981). As fases de pré-pupa e pupa, que duram 1 a 2 dias, respectivamente, ocorrem no solo em diferentes profundidades, conforme sua temperatura e tipo, a abundância de água e a movimentação do terreno durante as práticas culturais (NAKANO; SILVEIRA NETO; ZUCCHI, 1981). Seu ciclo de vida de ovo a adulto é de cerca de 13 dias (GALLO et al., 2002).

Os adultos e ninfas dos tripes-do-prateamento apresentam tendência de alimentar-se de forma agrupada, causando danos mais pronunciados. De modo geral, as ninfas causam maiores danos pela alimentação do que os adultos, devido tanto ao seu grande número, como por alimentarem-se de forma mais agregada, uma vez que são menos ativas e restringem sua alimentação a áreas limitadas. A oviposição forma lesões que também resultam em danos às plantas (ANANTHAKRISHNAN, 1971). Os danos vão desde ferimentos até abscisão dos folíolos. O pólen e as partes florais da planta também são fontes de alimentos para o inseto (GALLO et al., 2002).

Os danos às plantas ficam visíveis após a abertura dos brotos, quando as folhas mostram deformações nítidas, encarquilhamento e prateamento. Esses danos dificultam a absorção de energia luminosa pela planta, levando a menor realização de fotossíntese, ocasionando assim, redução no desenvolvimento das plantas, diminuindo, consequentemente, a produção (ALMEIDA; ARRUDA, 1962).

Nakano, Silveira Neto e Zucchi (1981) estimaram os prejuízos do tripes em 1% para cada tripes/folíolo, em média, até aos 70 dias da germinação da cultura, ou seja, se durante o período crítico houver uma infestação média de 10 tripes/folíolo, haverá uma perda de 10% na produtividade.

Em estudos mais recentes, conduzidos no Estado de São Paulo, a ausência de controle de *E. flavens* provocou reduções na produção entre 19,5 e 62,7%,

dependendo do nível de infestação, da cultivar utilizada e do local de plantio (MORAES et al., 2005). Trabalhando com diferentes níveis de controle químico ao tripses, Calore et al. (2012) estimaram que o controle de *E. flavens* com 20% dos folíolos atacados foi o mais próximo do controle total, evitando assim, perdas na produção.

A aplicação de silício vem sendo estudada como alternativa ao controle químico do tripses, proporcionando proteção às plantas de amendoim, reduzindo o número de adultos e ninfas do inseto, e aumentando a produtividade da cultura em 31,30% de amendoim em casca e 28,85% em grãos (DALASTRA et al., 2011).

No Brasil, os primeiros estudos visando a busca por resistência ao tripses foram feitos em genótipos do amendoim cultivado, *Arachis hypogaea* L. (BOIÇA JÚNIOR et al., 2012; CHAGAS FILHO et al., 2008; GABRIEL et al., 1996; LOURENÇÃO et al., 2007; MORAES et al., 2005; PEROZINI; SILVA; GOUSSAIN, 2014). Resistência do tipo tolerância foi sugerida, em alguns cultivares. Em germoplasma silvestre, os primeiros trabalhos deram indicações de que a resistência em nível mais alto pode ser encontrada (JANINI, 2011; JANINI et al., 2010; MICHELOTTO et al., 2013b).

Não há relatos de trabalhos sobre variabilidade para resistência ou tolerância a *E. flavens* em populações segregantes oriundas de cruzamentos intra ou interespecíficos.

2.5 Análise multivariada

A análise multivariada refere-se a todos os métodos estatísticos que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre cada indivíduo ou objeto sob investigação. Qualquer análise simultânea de mais de duas variáveis, de certo modo, pode ser considerada multivariada (HAIR et al., 2009).

Algumas técnicas multivariadas podem fornecer uma quantidade maior de informação, que para algumas finalidades, pode não ser fornecida pelo uso de análises univariadas (HAIR et al., 2009), isso porque, em relação à análise univariada, quando um fenômeno depende de muitas variáveis, geralmente esse tipo de análise falha, pois não basta conhecer informações estatísticas isoladas, mas é necessário, também, conhecer a totalidade dessas informações fornecidas pelo conjunto das

variáveis e suas relações (VICINI; SOUZA, 2005).

Os métodos de análise de dados multivariados permitem, um estudo global de variáveis, colocando em evidência as ligações, semelhanças ou diferenças entre as mesmas, perdendo o mínimo de informação. A grande vantagem de analisar simultaneamente as informações de todas as variáveis respostas, está na interpretação do conjunto de dados, levando em conta as correlações existentes entre elas (SARTORIO, 2008). São, portanto, muito úteis na análise experimental, por existir vários métodos de análises, com finalidades bem diferentes entre si. Assim, segundo Vicini e Souza (2005), o passo inicial é saber que conhecimento se pretende gerar, ou seja, que tipo de hipótese se quer gerar a respeito das observações.

De acordo com Hair et al. (2009), as variáveis nos métodos multivariados, devem ser aleatórias e inter-relacionadas, de tal forma que seus diferentes efeitos não sejam interpretados significativamente de forma separada. Deste modo, são classificadas em variáveis dependentes e independentes.

Na técnica de dependência, a variável é identificada como dependente e explicada por outras variáveis conhecidas como variáveis independentes, tendo como exemplo a análise discriminante, análise conjunta, análise de correlação canônica, análise multivariada de variância, modelagem de equações estruturais e regressão múltipla. Por outro lado, a técnica de interdependência envolve a análise simultânea de todas as variáveis no conjunto, sem definir se a variável é independente ou dependente. Exemplos dessa técnica: análise de agrupamentos, análise de componentes principais, análises de correspondência, análise fatorial e escalonamento multidimensional (HAIR et al., 2009).

No melhoramento genético, os métodos multivariados têm sido aplicados em diversas culturas como na soja e no feijão (BERTINI et al., 2010; DALLASTRA et al., 2014; SILVA, 2015; STÄHELIN et al., 2011). Na cultura do amendoim, tais métodos vêm sendo utilizados na seleção de genótipos (CAMPOS et al., 2011; PITTA et al., 2010), na diversidade genética (GRANJA; MELO FILHO; SANTOS, 2009; RAMOS, 2015) e na identificação de fontes de resistência às doenças fúngicas da parte aérea (MICHELOTTO et al., 2015; SANINE, 2006).

2.5.1 Análise de componentes principais

Descrita inicialmente por Pearson (1901 apud SILVA, 2015) e desenvolvida de forma independente por Hotelling (1933 apud SILVA, 2015), a análise de componentes principais permite simplificar um conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de n variáveis, em poucos componentes, que apresentam as propriedades de reterem o máximo de variação originalmente disponível e serem independentes entre si (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A técnica busca substituir um conjunto de variáveis correlacionadas por um conjunto de novas variáveis não correlacionadas, criando eixos ortogonais que são combinações lineares das variáveis originais, denominados componentes principais (FERRAUDO, 2010).

Para a determinação dos componentes principais, é necessário calcular a matriz de variância-covariância, ou a matriz de correlação, encontrar os autovalores e os autovetores e, por fim, escrever as combinações lineares, que serão as novas variáveis independentes entre si (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A importância relativa de um componente principal é avaliada pela porcentagem da variância total que ele explica. As variâncias dos componentes principais são os autovalores e os coeficientes das equações lineares de cada componente principal, que transforma os dados originais, são denominados autovetores. Trata-se, assim, de uma técnica de transformação de variáveis, de tal modo, que o primeiro autovalor a ser determinado, corresponderá a maior porcentagem da variabilidade total presente e assim sucessivamente, até que toda variação do conjunto tenha sido explicada. Já, os autovetores são os resultados da participação das variáveis originais (eixos originais) na composição dos novos eixos (componentes principais), que ditam a importância relativa de cada variável juntamente com seus respectivos sinais, positivos ou negativos, indicando a relação direta ou inversamente proporcional em relação aos componentes principais (MUNIZ et al., 2014).

Segundo Landim (2000), a matriz de carregamentos de cada variável nos componentes principais ao ser multiplicada pela matriz original de dados fornecerá a matriz de contagens (*scores*) de cada caso em relação aos componentes principais. Esses valores poderão então ser dispostos num diagrama de dispersão, em que os eixos são os dois componentes mais importantes, permitindo mostrar seu

relacionamento com as variáveis medidas.

É uma técnica estatística exploratória muito utilizada na compreensão e inter-relacionamento entre as variáveis originais (FERRAUDO, 2010). Devido a este fato tem sido de grande utilidade no melhoramento genético (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

2.5.2 Análise de agrupamento

Análise de agrupamento é o nome dado para um grupo de técnicas multivariadas que possui o objetivo de agregar os genótipos com base nas características que possuem. Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos, seguindo-se algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; HAIR et al., 2009).

Existem inúmeros métodos de agrupamento, que se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer. Dentre estes destacam-se os métodos hierárquicos e os não-hierárquicos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

O método hierárquico pode ser formado pelo método de aglomeração e divisão. Os resultados de ambos os procedimentos hierárquicos podem ser dispostos em um diagrama de duas dimensões conhecido como dendrograma, nos quais os objetos são agrupados de acordo com suas similaridades. O método não-hierárquico difere do hierárquico na quantidade de classes formadas, a qual é determinada antes da realização da análise, com o objetivo de minimizar a variabilidade dentro do conjunto e maximizar a variabilidade entre os conjuntos (PITTA et al., 2010).

Os métodos hierárquicos mais utilizados são os de ligação simples, ligação completa, método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA), método de Ward, dentre outros. Um método não-hierárquico bastante utilizado é o *K-means*, que classifica objetos em um número predefinido de grupos. A medida de similaridade usada entre os vetores de médias dos grupos pode levar a diferentes formações quanto à composição e ao número de objetos dentro de cada grupo. Assim, a escolha

dessa medida deve observar critérios, sendo a distância Euclidiana um dos mais utilizados, por ser uma métrica completa (HAIR et al., 2009).

Considerando o caso mais simples, no qual existem n indivíduos, onde cada um dos quais possuem valores para p variáveis, a distância Euclidiana entre eles é obtida mediante o teorema de Pitágoras, para um espaço multidimensional (VICINI; SOUZA, 2005).

Segundo Regazzi (2001), embora a distância Euclidiana seja uma medida de dissimilaridade, às vezes ela é referida como uma medida de semelhança, pois quanto maior seu valor, menos parecidos são os indivíduos ou unidades amostrais.

Quando estimada a partir das variáveis originais, a distância Euclidiana, pode ser influenciada pela escala de medida, pelo número de variáveis e pela correlação existente entre as mesmas. Assim, é realizada a padronização das variáveis em estudo, para que possuam a variância igual à unidade (1), o que implica, que a distância entre dois objetos quaisquer não é afetada pela adição de novos objetos, ainda que sejam dados fora do padrão (ANDRADE, 2004; MANLY, 1986).

2.5.2.1 Análise de agrupamento pelo método de Ward

O método de aglomeração de Ward é considerado um método hierárquico, onde a distância entre dois agrupamentos é a soma dos quadrados entre os dois agrupamentos feita sobre todas as variáveis. Em cada estágio do procedimento de agrupamento, a soma interna de quadrados é minimizada sobre todas as partições (o conjunto completo de agrupamentos disjuntos ou separados) que podem ser obtidos pela combinação de dois agregados do estágio anterior. Tal processo se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma (CRUZ; CARNEIRO, 2003; HAIR, et al., 2009).

Também chamado de “método de mínima variância”, utiliza alternativamente, o quadrado da distância Euclidiana na formação dos grupos. Assim, um grupo será reunido a um outro se essa reunião proporcionar o menor aumento da variância intragrupo. Este método de variância calcula as médias de todas as variáveis para cada grupo, escolhendo a que proporciona a menor variância. Calcula-se então, para cada objeto, o quadrado da distância Euclidiana e as médias do agrupamento. Em

cada estágio, combinam-se os dois grupos que apresentar menor aumento na soma global de quadrados dentro dos agrupamentos. Este método é altamente eficiente na formação de grupos (VICINI; SOUZA, 2005).

2.5.2.2 Análise de agrupamento pelo método *K-means*

O método *K-means* é considerado um método não-hierárquico que classifica objetos em um número predefinido de grupos. Para dar início à análise, o parâmetro k , que representa o número de grupos que se deseja formar com os dados a serem analisados, deve ser indicado pelo pesquisador. Ao selecionar k objetos do conjunto de dados aleatoriamente, cada um deles será o representante de seu grupo ainda unitário. Em sequência, os demais objetos serão testados em cada grupo e serão alocados naquele ao qual tenham a maior similaridade, ou seja, a menor distância. A cada novo objeto alocado será calculada a média dos objetos do grupo – o centroide, contra quem será medida a distância dos objetos que ainda não foram alocados. O modo de processamento do algoritmo *K-means* pode ser descrito em breves passos como relatado por Andrade (2004):

1. Primeiramente é esperada a entrada do parâmetro k , representando o número de grupos que se deseja formar;
 2. São selecionados aleatoriamente, dentre os objetos da coleção a ser analisado, o mesmo número k de objetos que serão, inicialmente, grupos unitários e, por conseguinte, o próprio centro do grupo;
 3. Em sequência, os objetos são comparados, um a um, com cada um dos centros dos grupos, sendo o objeto do momento alocado no grupo cujo centro lhe seja o mais próximo, utilizando para isso uma das medidas de distância;
 4. Todo grupo que recebe um novo objeto tem seu centro recalculado, por meio da média dos objetos que o compõem;
 5. O processo é repetido iterativamente até que uma determinada função objetivo convirja. Este critério procura formar grupos compactos e separados entre si.
- Ao aplicar um critério de otimização que possa dividir uma amostra em k grupos homogêneos, pretende-se que, dentro de cada grupo, os elementos sejam os mais semelhantes possíveis entre si, ao passo que as semelhanças entre os elementos de

grupos distintos sejam as menores possíveis (LOURENÇO; MATIAS, 2001).

3 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, P. R.; ARRUDA, H. V. Controle de tripses causador do prateamento das folhas do amendoim por meio de inseticidas. **Bragantia**, Campinas, v.21, n. 38, p. 679-687, 1962. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87051962000100039>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

ANANTHAKRISHNAN, T. N. Thrips (Thysanoptera) in agriculture, horticulture & forestry diagnosis, bionomics & control. **Journal of Scientific & Industrial Research**, New Delhi, v. 30, n.3, p. 113-146, 1971.

ANDRADE, L. P. **Procedimento interativo de agrupamento de dados**. 2004. 193f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Civil). UFRJ: Rio de Janeiro, 2004.

BERTINI, C. H. C. M., de ALMEIDA, W. S., da SILVA, A. P. M., SILVA, J. W. L., TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v32i4.4631>> Acesso em: 13 de jan. 2016.

BOIÇA JÚNIOR, A. L.; CHAGAS FILHO, N. R.; GODOY, I. J.; LOURENÇÃO, A. L.; SOUZA, J. R. Avaliação de resistência de cultivares de amendoim de hábito de crescimento rasteiro a ***Enneothrips flavens*** Moulton (Thysanoptera: Thripidae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v.79, n.1, p. 33-38, 2012. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1808-16572012000100005>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

CALCAGNOLO, G.; LEITE, F. M.; GALLO, J. R. Efeitos da infestação do tripses nos folíolos do amendoimzeiro ***Enneothrips*** (Enneothripiella) ***flavens*** Moulton, 1941, no desenvolvimento das plantas, na qualidade da produção de uma cultura “das águas”. **O Biológico**, São Paulo, v.40, n.8, p. 241-242, 1974.

CALORE, R. A.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; CHAGAS FILHO, N. R.; SOUZA de, J. R. Determinação do nível de controle econômico de ***Enneothrips flavens*** Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae) em cultivar de amendoim de porte ereto. **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 79, n. 2, p. 263-272, 2012. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1808-16572012000200015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

CAMPOS, A. P.; BOIÇA JÚNIOR; de JESUS, F. G.; GODOY, I. J. Avaliação de cultivares de amendoim para resistência à *Spodoptera frugiperda*. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 2, p. 349-355, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000200014>>. Acesso em: 13 de jan. 2016.

CHAGAS FILHO, N. R.; BOICA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; LOURENÇÃO, A. L.; RIBEIRO, Z. A. Resistência de cultivares de amendoim de hábito de crescimento ereto a *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 75, n. 2, p. 149-156, 2008. Disponível em: <http://www.biologico.sp.gov.br/rev_arq.php?vol=75&num=2> Acesso em: 14 de jan. 2016.

COELHO, P. J. A.; MORETZOHN, M. C.; VALLS, J. F. M. **Análise das relações genéticas entre espécies silvestres de *Arachis* utilizando marcadores RAPD**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2001. 24p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Boletim de pesquisa e Desenvolvimento, 18).

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Safra 2015/16**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>> Acesso em: 03 de mai. 2016.

COMPANY, M.; STALKER, H. T.; WYNNE, J. C. Cytology and leafspot resistance in *Arachis hypogaea* x wild species hybrids. **Euphytica**, v.31, p.885-893, 1982.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003, v.2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004, v.1, 480 p.

DALASTRA, C.; CAMPOS, A. R.; FERNANDES, F. M.; MARTINS, G. L. M.; CAMPOS, Z. R. Silício como indutor de resistência no controle do tripses do prateamento *Enneothrips flavens* Moulton, 1941(Thysanoptera: Thripidae) e seus reflexos na produtividade do amendoizeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 3, p. 531-538, 2011. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542011000300014>>. Acesso em 14 de jan. 2016.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000300021>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FÁVERO, A. P.; GODOY, I. J.; SUASSUNA, T. M. F. Uso de espécies silvestres no pré-melhoramento do amendoim. In: LOPES, M. A. et al. (Ed.) **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**, Brasília: EMBRAPA, 2011. Cap. 3, p. 266-291.

FÁVERO A. P.; MORAES, S. A.; GARCIA, A. A. F.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Characterization of rust, early and late spot resistance in wild and cultivated peanut germplasm. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 66, p. 110-117, 2009. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162009000100015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FÁVERO A. P.; MORAES, S. A.; VELLO, N. A.; VALLS, J. F. M. Caracterização de espécies silvestres de amendoim quanto à resistência à mancha castanha visando a introgressão de genes ao amendoim cultivado. In: Congresso de Melhoramento de Plantas, 2001. Goiânia. **Anais...** Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 2001.

FÁVERO A. P.; SIMPSON C. E.; VALLS J. F. M.; VELLO N. A. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A.duranensis*, and *A.hypogaea*. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1546-1552, 2006. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.2135/cropsci2005.09-0331>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FERRAUDO, A. S. **Técnicas de análise multivariada: uma introdução**. São Caetano: StatSoft South América, 2010.

GABRIEL, D.; NOVO, J. P. S.; GODOY, I. J.; BARBOZA, J. P. Flutuação populacional de *Enneothrips flavens* Moulton em cultivares de amendoim. **Bragantia**, v. 55, n. 2, p. 253-257, 1996. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87051996000200007>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R. P. L.; BATISTA, G. C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J. R. P.; ZUCCHI, R. A.; ALVES, S. B.; VENDRAMIN, J. D.; MARCHINI, L. C.; LOPES, J. R. S.; OMOTO, C. **Entomologia Agrícola**. Piracicaba SP. FEALQ, 2002. 920 p.

GARCIA, G. M.; STALKER, H. T.; KOCKERT, G. Introgression analysis of an interspecific hybrid population in peanuts (*Arachis hypogaea* L.) using RFLP and RAPD markers. **Genome**, Ottawa, CA, v. 38, p. 166-176, 1995. Disponível em: <<http://crsps.net/wp-content/downloads/Peanut/Inventoried%208.20/7-1995-4-941.pdf>> Acesso em: 14 de jan. 2016.

GARCIA, G. M.; STALKER, H. T.; SHROEDER, E.; KOCHERT, G. Identification of RAPD, SCAR and RFPL markers tightly linked to nematode resistance genes introgressed from *Arachis cardenasii* into *Arachis hypogaea*. **Genome**, Ottawa, CA, v. 39, p. 836-845, 1996. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1139/g96-106>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; SANTOS, R. C.; ZANOTTO, M. Melhoramento do amendoim. In: Borém, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**, Viçosa, Editora UFV, 2005 (2ª Ed). p. 54-95.

GRANJA, M. M. C.; MELO FILHO, P. A.; SANTOS, R. C. Análise genética em uma população intraespecífica de amendoim baseada em descritores fenotípicos. **Revista Brasileira de Ciência Agrárias**, Recife, v. 4, n. 3, p. 257-260, 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.5039/agraria.v4i3a4>>. Acesso em: 13 de jan. 2016.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.

HERBERT, T. T.; STALKER, H. T. Resistance to peanut stunt virus in cultivated and wild *Arachis* species. **Peanut Science**, Raleigh, v. 8, p. 45-47, 1981. Disponível em: <<https://doi.org/10.3146/i0095-3679-8-1-12>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

HOLBROOK, C.; STALKER, T. H. Peanut breeding and genetic resources. In: JANICK, J. (Ed.) **Plant Breeding Reviews**, v. 22, 2003. Cap. 6, p. 297-356.
HUSTED, L. Cytological studies of the peanut *Arachis*. I. Chromosome number and morphology. **Cytologia**, Tokyo, v. 5, p. 109-117, 1933.

HUSTED, L. Cytological studies of the peanut *Arachis*. II. Chromosome number, morphology and behavior, and their application to the problem of the origin of the cultivated forms. **Cytologia**, Tokyo, v. 7, p. 396-423, 1936.

INSTITUTO DE ECONOMIA AGRÍCOLA. **Amendoim: recuperação e recorde de produção na safra paulista 2014/2015**. Disponível em: <<http://www.iea.sp.gov.br/>> Acesso em: 18 de nov. 2015.

JANINI, J. C. **Resistência de germoplasma silvestre de amendoim (*Arachis spp.*) a *Enneothrips flavens* Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae) e *Stegasta bosquella* (Chambers, 1875) (Lepidoptera: Gelechiidae).** 2011. 129f. Tese (Doutorado em Agronomia (Entomologia Agrícola). Unesp, Jaboticabal, 2011.

JANINI, J. C.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Avaliação de espécies silvestres e cultivares de amendoim para resistência a *Enneothrips flavens* Moulton. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 891-898, 2010. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000400015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

JOLY, A. B. **Botânica: introdução à taxonomia vegetal.** 5. Ed. Companhia Editora Nacional: São Paulo, 1979. p. 371-382.

JUDD, W.S.; CAMPBELL, C.S.; KELLOGG, E.A.; STEVENS, P.F.; DONOGHUE, M.J. 2009. **Sistemática vegetal: um enfoque filogenético.** 3. ed. 612 p.

KNOTHE, G. Dependence of biodiesel fuel properties on the structure of fatty acid alkyl esters. **Fuel Processing Technology**, Amsterdam, NL, v. 86, p. 1059-1070, 2005. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1016/j.fuproc.2004.11.002>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

KOCHERT, G.; STALKER, H. T.; GIMENES, M.; GALGARO, S. L.; LOPES, C. R.; MOORE, K. RFLP and cytological evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut, *Arachis hypogaea* (Leguminosae). **American Journal of Botany**, v. 83, p. 1282-1291, 1996. Disponível em: <<http://www.academicroom.com/article/rflp-and-cytogenetic-evidence-origin-and-evolution-allotetraploid-domesticated-peanut-arachis-hypogaea-leguminosae>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomia del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, v.8, n. 1-4, p. 1-186, 1994. Disponível em: <<http://www.pricklyresearch.com/webdump/TAMU%20peanuts/Item%208%202006.pdf>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

LANDIM, P. M. B. **Análise estatística de dados geológicos multivariados.** Lab. Geomatemática, DGA, IGCE, UNESP/Rio Claro, Texto Didático 03, 128 p. 2000. Disponível em: <<http://www.rc.unesp.br/igce/aplicada/DIDATICOS/LANDIM/multivariados.pdf>> Acesso em: 14 de jan. 2016.

LEAL-BERTIOLI, S. C. M.; SANTOS, S. P.; DANTAS, K. M.; INGLIS, P. W.; NIELEN, S.; ARAUJO, A. C. G.; SILVA, J. P.; CAVALCANTE, U.; GUIMARÃES, P. M.; BRASILEIRO, A. C. M.; CARRASQUILLA-GARCIA, N.; PENMETSA, R. V.; COOKS, D.; MORETZSOHN, M. C.; BERTIOLI, D. J. *Arachis batizocoi*: a study of its relationship to cultivated peanut (*A. hypogaea*) and its potential for introgression of wild genes into the peanut crop using induced allotetraploids. **Annals of Botany**, v. 115, n. 2, p. 237-249, 2015. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1093/aob/mcu237>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

LOURENÇÃO, A. L.; MORAES, A. R. A.; GODOY, I. J.; AMBROSANO, G. M. B. Efeito da infestação de *Enneothrips flavens* Moulton sobre o desenvolvimento de cultivares de amendoim. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 623-636, 2007. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000400013>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

LOURENÇO, A.; MATIAS, R.P. **Estatística multivariada**. Porto: Instituto Superior de Engenharia do Porto, 2001.

LYERLY, H.; STALKER, H. T.; MOYER, J. W.; HOFFMAN, K. Evaluation of *Arachis* species for resistance to tomato spotted wilt virus. **Peanut Science**, Raleigh, v. 29, n. 2, p. 79-84, 2002. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/pnut.29.2.0001>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MANLY, B. F. J. Discriminant function analysis. In: _____. **Multivariate statistical methods**: a primer. London: Chapman and Hall, 1986. p. 87-89.

MEHAN, V. K.; MCDONALD, D.; SINGH, A. K.; MOSS, J. P. Aflatoxin in production of wild *Arachis* species. **Oléagineux**, Paris, v. 47, n. 2, p. 87-89, 1992. Disponível em: <<http://oar.icrisat.org/2917/>>. Acesso em 15 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D., BARIONI Jr., W., de RESENDE, M. D. V., GODOY, I. J., LEONARDECZ, E., FÁVERO, A. P. Identification of fungus resistant wild accessions and interspecific hybrids of the genus *Arachis*. **PLoS ONE**, [s.l.], v.10, n.6, p. 1-17, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128811>>. Acesso em: 13 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P. Espécies silvestres como fontes de resistência a pragas e doenças do amendoim. **Pesquisa & Tecnologia**, Apta regional, vol. 10, n. 2, 2013, a. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/975349>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D.; GODOY, I. J.; FAVERO, A. P.; CARREGA W. C; FINOTO, E. L. Occurrence of *Enneothrips flavens*, Moulton, and *Stegasta bosquella*, Chambers, and its effects on agronomic traits of wild *Arachis* accessions. **Bioscience Journal (Online)**, v. 29, p. 115-124, 2013 b. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14062>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MONTEIRO, R. C. **Espécies de tripes (Thysanoptera: Thripidae) associadas a algumas culturas no Brasil**. 1994. 73f. Dissertação (Mestrado em Entomologia). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1994.

MORAES, A.R.A.; LOURENÇÃO, A.L.; GODOY, I.J.; TEIXEIRA, G.C. Infestation by *Enneothrips flavens* Moulton and yield of peanut cultivars. **Scientia Agricola**, v.62, n.5, p.469-472, 2005. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162005000500010>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MOUND, L. A.; TEULON, D. A. J. Thysanoptera as phytophagous opportunists. In: PARKER, B. L.; SKINNER, M; LEWIS, T. (eds.). **Thrips biology and management**. New York: Plenum Publishing Corporation, 1995. p. 3-20.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A.; MASCIOLI, A. S.; ZADRA, L. E. F. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p.1569-1576, 2014. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2014v35n3p1569>> Acesso em: 14 de jan. 2016.

NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; ZUCCHI, R. A. **Entomologia Econômica**. Editora Agronômica Ceres, São Paulo, 1981, 314 p.

NELSON, S. C.; SIMPSON, C. E.; STARR, J. L. Resistance to *Meloidogyne arenaria* in *Arachis* spp. germplasm. **Journal of Nematology**, v. 21, n. 48, p. 654-660, 1989. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2618985/>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

NIGAM, S. N.; RAO, M. J. V.; GIBBONS, R. W. Artificial hybridization in groundnut. In: BORÉM, A. (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**, Viçosa: UFV, 1999. p. 83-100.

NORDEN, A. J. Peanut. In: FEHR, W. R.; HADLEY, H. H. (Ed.). **Hybridization of crop plants**. Madison: American Society Agronomy, 1980. p. 443-456.

PANDE, S.; RAO, J. N. Resistance of wild *Arachis* species to late leaf spot and rust in greenhouse trials. **Plant Disease**, St. Paul, v. 85, n. 8, p. 851-855, 2001. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.8.851>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PATTEE, H. E.; STALKER, H. T.; GIESBRECHT, F. G. Comparative peg, ovary and ovule ontogeny of selected cultivated and wild type *Arachis* species. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 152, n. 1, p. 64-71, 1991. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/2995492?seq=1#page_scan_tab_contents>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PEROZINI, A. C.; SILVA, P. S.; GOUSSAIN, R. C. S. Resistência ao *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae) e o potencial produtivo em genótipos de amendoim de hábito de crescimento rasteiro. **Vértices**, Campos dos Goytacazes, v.16, n.2, p. 79-92, 2014. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.5935/1809-2667.20140019>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PITTA, R. M.; BOIÇA JÚNIOR.; de JESUS, F. G.; TAGLIARI, S. R. A. Seleção de genótipos resistentes de amendoimzeiro a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com base em análises multivariadas. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, n. 2, p. 260-265, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1519-566X2010000200018>>. Acesso em: 13 de jan. de 2016.

RAMOS, J. P. C. **Divergência genética em acessos de amendoim com base em descritores fenotípicos**. 2015. 37f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias, Melhoramento Vegetal). UEPB, Campina Grande, 2015.

REDDY, A. S.; REDDY, L. J.; MALLIKARJUNA, N.; ABDURAHMAN, M. D.; REDDY, Y. V.; BRAMEL, P. J.; REDDY, D. V. R. Identification of resistance to peanut bud necrosis virus (PBNV) in wild *Arachis* germplasm. **Annals of Applied Biology**, Cambridge, v. 137, n. 2, p. 135-139, 2000. Disponível em: <<http://oar.icrisat.org/1850/>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

REGAZZI, A. J. **INF 766 - Análise multivariada**. Viçosa: UFV, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 2001. 166 p. Apostila de disciplina.

ROBLEDO, G.; SEIJO, G. Species relationships among the wild B genome of *Arachis* species (section *Arachis*) based on FISH mapping of rDNA loci and heterochromatin detection: a new proposal for genome 63 arrangement. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, n. 6, p. 1033-1046, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00122-010-1369-7>>. Acesso em 15 de jan. 2016.

SANINE, P. R. **Caracteres estruturais e dimensão fractal da folha de espécies de *Arachis* e sua relação com a cercosporiose**. 2006. 76f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas (Morfologia e Diversidade Vegetal)). Unesp, Botucatu, 2006.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P.; MOURA, N. F.; MICHELOTTO, M. D.; MARTINS, A. L. M. Resistência à mancha preta em populações F₄ selecionadas de cruzamentos entre um amendoim cultivado e um anfidiplóide de *Arachis*. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 512-518, 2011. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000001>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Resistência à mancha preta e qualidade agronômica de plantas RC₁F₂ de cruzamentos do híbrido anfidiplóide (*Arachis ipaënsis* x *Arachis duranensis*) com o amendoim cultivado (*A. hypogaea*). **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, p. 280 - 287, 2013. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14110>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SANTOS, R. C.; FARIAS, F. J. C.; MOREIRA, J. A. N.; MELO FILHO, P. A. Teste de hibridação artificial no amendoim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, n. 6, p. 923-927, 1994.

SANTOS, R. C.; GODOY, I. J. Hibridação em amendoim. In: BORÉM, A. (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**, Viçosa: UFV, 1999. p. 83-100.

SANTOS, R. C.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P. Melhoramento do amendoim e cultivares comerciais. In: SANTOS, R. C.; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. (ed), **O Agronegócio do Amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013. Cap. 4, p. 116-184.

SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P.A.; BRITO, S.F.M.; MORAES, J.S. Fenologia de genótipos de amendoim dos tipos botânicos Valência e Virgínia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, p.607-612, 1997. Disponível em: <<http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/4684>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. 2008. 130f. Dissertação (Mestrado em Agronomia (Estatística e Experimentação Agronômica). ESALQ, Piracicaba, 2008.

SEIJO, J. G.; LAVIA, G. I.; FERNÁNDEZ, A.; KRAPOVICKAS, A.; DUCASSE, D.; MOSCONE, E. A. Physical mapping of the 5S and 18S–25S RNA genes by FISH as evidence that *A. duranensis* and *A. ipaënsis* are the wild diploid progenitors of *A. hypogaea* (Leguminosae). **American Journal of Botany**, v. 91, n. 9, p. 1294-1303, 2004. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.3732/ajb.91.9.1294>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SILVA, F. M. **Estratégias de condução de populações segregantes de soja portadoras do gene RR e seleção por meio de análises uni e multivariada**. 2015. 76f. Tese (Doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas). Unesp, Jaboticabal, 2015.

SIMPSON, C. E. Pathways for introgression of pest resistance into *Arachis hypogaea* L. **Peanut Science**, Raleigh, v. 18, p. 22-26, 1991. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/i0095-3679-18-1-8>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SIMPSON, C. E.; STARR, J. L. Registration of “Coan” peanut. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 3, p. 918, 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413918x>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SINGH, A. K.; STALKER, H. T.; MOSS, J. P. Cytogenetics and use of alien genetic variation in groundnut improvement. In: TSUCHIYA, T.; GUPTA, P. K. (Ed.). **Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution: part B**. Amsterdam, NL: Elsevier Science Publishers. 1991. p. 65-77

SMARTT, J.; GREGORY, W.C.; GREGORY, M. P. The genomes of *Arachis hypogaea*. 2. The implications in interspecific breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 27, n. 3, p. 677-680, 1978. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/BF00023702>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SMITH Jr., J. W.; BARFIELD, C. S. Management of preharvest insects. In: PATTEE, H. E.; YOUNG, C. T. (ed.) **Peanut science and tecnologia**. Yoakum, Texas: American Peanut Research Education and Society, 1982. p. 250-325.

STÄHELIN, D.; VALENTINI, G.; de ANDRADE, L. R. B.; VERISSIMO, M. A. A.; BERTOLDO, J. G.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. *Screening* multivariado entre acessos e cultivares de feijão do grupo preto para utilização em blocos de cruzamento. **Biotemas**, Florianópolis, v. 24, n. 1, p. 95-103, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.5007/2175-7925.2011v24n1p95>> Acesso em: 13 de jan. 2016.

STALKER, H. T. Utilizing *Arachis cardenasii* as a source of *Cercospora leafspot* resistance for peanut improvement. **Euphytica**, Wageningen, v. 33, p. 529-538, 1984. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/BF00021154>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

STALKER, H. T.; BEUTE, M. K.; SHEW, B. B.; ISLEIB, T. J. Registration of five leaf spot-resistant peanut germplasm lines. **Crop Science**, v. 42, p. 314-316, 2002. Disponível em: <<https://doi.org/10.2135/cropsci2002.3140>>. Acesso em 15 de jan. 2016.

STALKER, H. T.; CAMBELL, W. V. Resistance of wild species of peanut to an insect complex. **Peanut Science**, v.10, p.30-33, 1983. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/i0095-3679-10-1-9>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

STALKER, H.T.; MOZINGO, L.G. Molecular genetics of *Arachis* and marker assisted selection. **Peanut Science**, v. 28, p. 117-123, 2001. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/i0095-3679-28-2-13>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SUBRAHMANYAM, P.; NAIDU, R. A.; REDDY, L. J.; KUMAR, P. L.; FERGUSON, M. E. Resistance to groundnut rosette disease in wild *Arachis* species. **Annals of Applied Biology**, Cambridge, v. 139, v. 1, p. 45-50, 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2001.tb00129.x>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SUBRAHMANYAM, P.; SMITH, D. H.; SIMPSON, C. E. Resistance to *Didymella arachidicola* in wild *Arachis* species. **Oléagineux**, Paris, v. 40, n. 11, p. 553-556, 1985.

STARR, J. L.; SCHUSTER, G. L. SIMPSON, C. E. Characterization of the resistance to *Meloidogyne arenaria* in an interspecific *Arachis* spp. hybrid. **Peanut Science**, Raleigh, v. 17, p. 106-108, 1990. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.3146/i0095-3679-17-2-14>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Peanut area, yield and production**. 2016. Disponível em: <<http://apps.fas.usda.gov/psdonline/>>. Acesso em: 03 de mai. 2016.

VALLS, J. F. M. Recursos genéticos do gênero *Arachis*. In: SANTOS, R. C.; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. (Ed). **O Agronegócio do Amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013. p. 46-69.

VALLS, J. F. M.; COSTA, L. C.; CUSTODIO, A. R. A novel trifoliolate species of *Arachis* (Fabaceae) and further comments on the taxonomic section *Trierectoides*. **Bonplandia**, v.22, n. 1, p. 91–97, 2013. Disponível em: <http://ibone.unne.edu.ar/objetos/uploads/documentos/bonplandia/public/22_1/91_97.pdf>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

VALLS, J. F. M.; SIMPSON, C. E. New species of *Arachis* L. (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. **Bonplandia**, Corrientes, ARGENTINA, v. 14, n. 1-2, p. 35-63, 2005. Disponível em: <http://ibone.unne.edu.ar/objetos/uploads/documentos/bonplandia/public/14_1_2/35_63.pdf>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

VARMAN, P. V.; GANESAN, K. N.; MOTHILAL, A. Wild germplasm: potential source for resistance breeding in groundnut. **Journal of Ecobiology**, v. 12, n. 3, p. 223-228, 2000.

VICINI, L.; SOUZA, A. M. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005. 215 p. Disponível em: <<http://w3.ufsm.br/adriano/livro/Caderno%20dedatico%20multivariada%20-%20LIVRO%20FINAL%201.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

WYNNE, J.C.; HALWARD, T.M. Germplasm enhancement in peanut. In: STALKER, H. T.; CHAPMAN, C. (Ed.). **Science Management of Germplasm: Characterization, Evaluation and Enhancement**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1989, p.155-174.

CAPÍTULO 2 - Resistência ao *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae) e estimativa de parâmetros genéticos em genótipos interespecíficos de amendoim

RESUMO – O amendoim é uma cultura oleaginosa de grande importância para o agronegócio brasileiro. Um dos principais fatores que afetam sua produção é a incidência de pragas, com destaque para o tripes-do-prateamento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de resistência ao tripes, em genótipos derivados do cruzamento entre a cultivar IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, assim como estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos em tais genótipos, como auxiliares no processo de seleção. Os experimentos foram conduzidos no esquema de blocos aumentados de Federer com testemunhas intercalares em duas gerações: F₃, conduzida no ano agrícola de 2013/14 e F₄, conduzida em 2014/15. A resistência ao tripes foi avaliada pela sua infestação natural e pelos sintomas de injúrias causadas pelo inseto. Foram avaliados também caracteres agrônômicos como indicadores da proximidade dos genótipos segregantes ao cultivado. Com base nos resultados, observou-se que as progênies segregantes apresentam ampla variabilidade quanto aos componentes de produção e de resistência ao tripes, apresentando maior nível de resistência ao inseto, em relação aos genótipos cultivados. Os coeficientes de herdabilidade e os ganhos com a seleção foram superiores na geração F₃ indicando que por meio da seleção precoce podem-se obter progênies resistentes ao inseto, próximos aos genitores silvestres, porém, seu grau de adequação agrônômica aos genótipos *A. hypogaea* L. ainda é pequeno, o que sugere o uso de retrocruzamentos em etapas futuras.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L., tripes, resistência a insetos, REML/BLUP

1 INTRODUÇÃO

A cultura do amendoim (*Arachis hypogaea* L.) tem grande importância para o agronegócio brasileiro, particularmente, pela sua exportação, gerando dividendos ao país. Sendo assim, a expansão e sustentabilidade da cultura passa pela sua evolução tecnológica. A produção brasileira está concentrada nos Estados das regiões Sudeste e Centro-Sul, com destaque para o Estado de São Paulo, que se constitui no maior produtor de amendoim da primeira safra e responsável por cerca de 90% da oferta do país (CONAB, 2015).

Uma das limitações da produção é o seu alto custo agrícola em função da necessidade de muitas aplicações para o controle químico de pragas e doenças. Assim, a busca por cultivares resistentes é a forma mais adequada de reduzir o custo, tornando a cultura mais rentável e com maior sustentabilidade ambiental (GODOY et al., 2005).

Entre as pragas que ocorrem no Brasil, o tripes-do-prateamento - *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae), é considerado praga-chave da cultura (GALLO et al., 2002). Alguns trabalhos envolvendo cultivares atuais têm sugerido restrita variabilidade para resistência ou tolerância a este inseto (BOIÇA JÚNIOR et al., 2012; PEROZINI; SILVA; GOUSSAIN, 2014), fato que dificulta o processo de seleção de genótipos superiores.

Desse modo, tem-se sugerido que a resistência genética, mais eficaz, pode ser encontrada em outras espécies do gênero *Arachis* L. (WYNNE; HALWARD, 1989). Entretanto, a utilização de espécies silvestres no melhoramento é dificultada por barreiras de esterilidade, sendo a maioria devido às diferenças de constituição do genoma e de ploidia (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

A espécie cultivada, alotetraploide, possui dois genomas (A e B), enquanto as espécies silvestres, diploides, possuem alternativamente, genomas A ou B. O cruzamento entre espécies dos dois grupos fornece híbridos diploides estéreis AB. Para contornar essa incompatibilidade, Simpson (1991) sugeriu a obtenção de anfidiplóides, resultante do cruzamento de espécies diploides de genomas A e B, seguido da duplicação de cromossomos com o uso de colchicina, para então cruzar o anfidiplóide tetraploidizado com o amendoim cultivado.

Trabalhos de pré-melhoramento, envolvendo cruzamentos de *A. hypogaea* L.

com germoplasma silvestre vêm sendo realizados no Brasil, com o objetivo de identificar fontes de resistência às principais pragas e doenças da parte aérea (FÁVERO et al., 2006, 2009; JANINI et al., 2010; MICHELOTTO et al., 2015; SANTOS et al., 2011, 2013). Um dos cruzamentos realizados envolveu uma cultivar elite do Instituto Agronômico de Campinas (IAC 503) e o anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}. Este anfidiplóide tem sido estudado devido a sua resistência ao tripses-do-prateamento por possuir *A. cardenasii* como um de seus genitores silvestres, sendo esta espécie citada na literatura como fonte de resistência a diversos agentes bióticos constituindo-se um importante germoplasma para uso no melhoramento genético do amendoim (HOLBROOK; STALKER, 2003).

São poucos os trabalhos de estudo de herança envolvendo resistência à pragas em amendoim, e em relação ao tripses-do-prateamento, nenhum trabalho é conhecido. Assim, populações segregantes em gerações precoces deste cruzamento constituem valioso material para estudos de parâmetros genéticos relacionados à resistência a esta praga.

Em estudos de gerações precoces, as estimativas de herdabilidade, de componentes da variância e de ganhos genéticos são importantes, visando definir a origem genética ou ambiental da variabilidade observada e contribuir para o correto direcionamento do programa de melhoramento, para o avanço das futuras gerações e seleção dos genótipos superiores (RAMALHO et al., 2012).

Mediante o exposto, este trabalho teve como objetivos: avaliar as populações segregantes iniciais do cruzamento envolvendo a cultivar comercial IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} como fonte de resistência ao tripses-do-prateamento, estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos populacionais, bem como monitorar os caracteres indicadores de proximidade agronômica dos segregantes interespecíficos com genótipos da espécie cultivada.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local do experimento

Os experimentos foram conduzidos em dois anos agrícolas (2013/2014 e

2014/2015) em área experimental pertencente a Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Polo Regional Centro Norte, em Pindorama, SP, localizada a 21° 13' de latitude sul e 48° 55' de longitude oeste, com altitudes variando entre 498 a 594 m (LEPSCH; VALADARES, 1976). O solo da área é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo de textura arenosa média/abrupto (EMBRAPA, 2013). Segundo a classificação de Köppen (1948), o clima enquadra-se no tipo Aw, definido como tropical úmido com estação chuvosa no verão e seca no inverno. A temperatura média para o primeiro ano agrícola foi de 23,6 °C com precipitação média de 930 mm e, para o segundo ano, foi de 23,9 °C com precipitação média de 1288 mm (CIIAGRO, 2015).

2.2 Obtenção e condução das progênes segregantes

Para a obtenção das progênes segregantes foi realizada hibridação artificial entre a cultivar comercial IAC 503 (*A. hypogaea* L., progenitor feminino) com o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, pela Embrapa Pecuária Sudeste (CPPSE), seguindo o esquema apresentado na Figura 1.

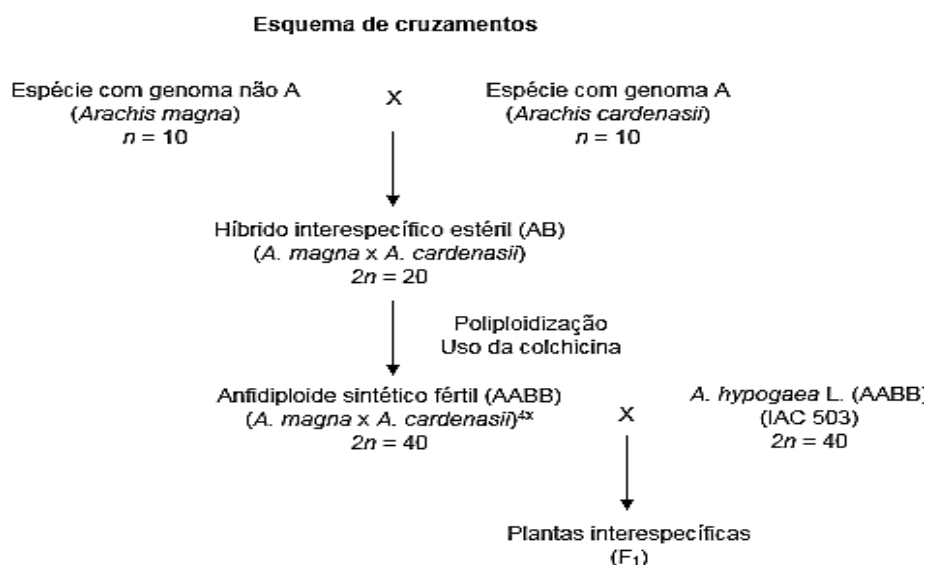


Figura 1. Esquema de cruzamentos usados para a introgressão de genes localizados em espécies silvestres de *Arachis*, no amendoim cultivado (adaptado de FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

As plantas F₁ foram autofecundadas naturalmente, obtendo-se as sementes F₂. Estas foram semeadas no campo, em área experimental pertencente a Apta, Polo Regional Centro Norte, em Pindorama, SP, no ano agrícola de 2012/2013, em

experimento sob condições de infestação natural do tripses. As plantas F₂ foram avaliadas e ao final do ciclo, colhidas de forma manual. Aquelas que produziram sementes, formaram as famílias em geração F₃ que deram início ao presente trabalho.

Para a sua realização, foram avaliadas progênies em geração F₃ no ano agrícola de 2013/2014, e F₄ no ano agrícola de 2014/2015, conduzidas pelo método genealógico, onde foram avaliadas plantas individuais. Ao final do primeiro ciclo (F₃), as plantas foram colhidas manualmente e aquelas que produziram pelo menos 10 vagens foram selecionadas, gerando 92 progênies, que constituíram o ensaio em geração F₄ (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação das 92 progênies F₄ obtidas do cruzamento entre a cultivar comercial IAC 503 e o anfidiploide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e seus respectivos códigos, além das 6 testemunhas utilizadas nos experimentos. Pindorama, SP, 2014/2015.

Prog.	Código*	Prog.	Código*	Prog.	Código*	Prog.	Código*
1	7 - 1	26	29 - 5	51	47 - 4	76	71 - 8
2	7 - 5	27	32 - 5	52	47 - 6	77	72 - 3
3	9 - 4	28	33 - 4	53	48 - 3	78	72 - 7
4	9 - 7	29	33 - 8	54	48 - 4	79	72 - 10
5	13 - 2	30	33 - 9	55	48 - 5	80	73 - 2
6	14 - 6	31	37 - 3	56	48 - 6	81	73 - 3
7	14 - 10	32	38 - 1	57	48 - 8	82	75 - 2
8	15 - 5	33	40 - 2	58	48 - 9	83	77 - 1
9	15 - 6	34	40 - 3	59	48 - 10	84	77 - 9
10	16 - 3	35	40 - 4	60	57 - 5	85	78 - 2
11	18 - 1	36	40 - 5	61	58 - 5	86	78 - 5
12	18 - 4	37	40 - 7	62	59 - 5	87	78 - 6
13	18 - 7	38	42 - 1	63	59 - 8	88	79 - 1
14	22 - 1	39	42 - 2	64	60 - 1	89	79 - 4
15	22 - 7	40	42 - 3	65	60 - 6	90	79 - 5
16	22 - 8	41	42 - 5	66	62 - 3	91	79 - 6
17	22 - 9	42	42 - 6	67	62 - 5	92	79 - 7
18	22 - 10	43	42 - 7	68	63 - 3	93	IAC 886
19	25 - 3	44	42 - 8	69	63 - 5	94	IAC 503
20	25 - 4	45	42 - 9	70	64 - 5	95	L. 335
21	25 - 5	46	43 - 4	71	69 - 5	96	An. 8
22	25 - 6	47	43 - 5	72	69 - 10	97	V 13751
23	25 - 10	48	43 - 6	73	71 - 3	98	GKP 10017
24	28 - 5	49	43 - 9	74	71 - 4		
25	29 - 1	50	47 - 2	75	71 - 5		

* = Ar 75A (P): código de identificação do cruzamento. Prog. = progênie. Runner IAC 886 e IAC 503 = cultivares comerciais. L.335 = linhagem do programa de melhoramento do IAC. An.8 = anfidiploide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, V 13751 = espécie silvestre *A. magna*. GKP 10017 = espécie silvestre *A. cardenasii*.

Além das progênes segregantes foi utilizado um conjunto de testemunhas, a saber: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e as espécies genitoras do anfidiploide (*A. magna* - V 13751 e *A. cardenasii* - GKP 10017); plantadas de maneira intercalar, seguindo o delineamento experimental de blocos aumentados de Federer (1956). As testemunhas foram escolhidas de forma a abranger ampla variabilidade com relação à resistência ao tripses, segundo conhecimento prévio do comportamento de tais genótipos (Tabela 2).

Tabela 2. Espécies, anfidiploide e cultivares de amendoim utilizados como testemunhas utilizadas nos experimentos e suas respectivas origens e ciclos vegetativos. Pindorama, SP.

Genótipo	Espécie	Local da coleta ¹	Ciclo
cv. Runner IAC 886	<i>Arachis hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
cv. IAC 503	<i>A. hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
Linhagem 335	<i>A. hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
V 13751 x GKP 10017*	(<i>A. magna</i> x <i>A. cardenasii</i>) ^{4x}	DF/Embrapa/BRA	Anual
GKP 10017*	<i>A. cardenasii</i> Krapov. & W. C. Gregory	Roboré/BOL	Perene
VSPmSv 13751*	<i>A. magna</i> Krapov., W.C. Gregory & C.E. Simpson	Vila Bela da Ssa Trindade/BRA	Perene

* = materiais armazenados no Cenargen/Embrapa. ¹ = BRA: Brasil, BOL: Bolívia.

Inicialmente, as sementes foram tratadas com os produtos comerciais Ethrel®¹ (princípio ativo: etefom) na dosagem de 2,0 mL/kg de sementes, a fim de se quebrar a dormência, e o fungicida Vitavax®-Thiram 200 SC² (carboxina + tiram) na dosagem de 2,5 mL/kg de sementes, para proteção contra fungos de solo. Em seguida, foram dispostas em copos de plástico (200 mL) para germinação, contendo substrato poroso Bioflora®³, sendo então acondicionadas em casa de vegetação até atingirem aproximadamente 15 cm de altura, quando foram transplantadas para o campo.

As populações segregantes, bem como os genótipos genitores e as testemunhas, foram transplantadas para o campo em linhas de 10 m onde as plantas foram espaçadas entre si, de 1 m na linha e de 1,80 m nas entrelinhas, para permitir a máxima individualização de cada planta e não interferência de uma planta sobre a

¹Ethrel® é marca registrada utilizada sob licença da Bayer CropScience.

²Vitavax®-Thiram 200 SC é marca registrada utilizada sob licença da Chemtura Indústria Química do Brasil Ltda.

³Bioflora® é marca registrada utilizada sob licença da Bioflora Substratos Agrícolas.

outra. A área experimental foi previamente adubada com NPK (fórmula 8:28:16) na dosagem de 250 kg.ha⁻¹, conforme análise química do solo.

Foram realizadas pulverizações com fungicidas a cada 15 dias a fim de se evitar o desenvolvimento de doenças. Não foi realizado controle químico do trips. O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida pré-plantio-incorporado, trifluralina, na dose de 2,5 L.ha⁻¹ do produto, além de capinas manuais durante o desenvolvimento das plantas.

2.3 Caracteres avaliados

As avaliações de infestação de trips foram realizadas no campo em plantas individuais quando estas apresentaram pelo menos 5 brotos terminais, o que ocorreu aos 88, 98, 109, 123, 130 e 138 dias após a semeadura (DAS) na geração F₃ e, aos 54, 63, 79 e 107 DAS na geração F₄, a saber:

(a) ocorrência do trips: contagem do número de insetos (ninfas e adultos) em 5 folíolos jovens, presentes em folhas apicais, ainda fechados, dando preferência àqueles mais desenvolvidos, amostrados ao acaso por planta;



Figura 2. Visualização de folíolo de *A. hypogaea* L. jovem e ainda fechado (A), técnicas de abertura dos folíolos (B e C).

(b) sintomas visuais de ataque do trips: aplicação de escala de notas de sintomas visuais variando de nota 1 - folha sem sintoma a nota 5 - folhas totalmente atacadas, em 5 folhas recém-abertas, também amostradas ao acaso por planta (MORAES, 2005). A aplicação da escala de notas de ataque ocorreu após 6 dias da avaliação de infestação do inseto, uma vez que, segundo conhecimentos prévios, este refere-se ao tempo médio de abertura dos folíolos e fácil visualização dos sintomas.



Figura 3. Escala de notas de sintomas de ataque de *Enneothrips flavens* em plantas de amendoim: 1- folíolo com ausência de sintomas; 2- folíolo com poucas pontuações prateadas, sem deformações; 3- folíolo com poucas pontuações prateadas, com início de enrolamento das bordas dos folíolos; 4- folíolo com pontuações prateadas generalizadas, com enrolamento das bordas; 5- folíolo com pontuações prateadas generalizadas, com encarquilhamento total desse folíolo (MORAES, 2005).

A caracterização agronômica foi realizada após o arranquio manual de cada planta e, as vagens submetidas à secagem em estufa a 30°C por 72 horas com padronização da umidade a 13%, onde os seguintes caracteres foram avaliados:

- (a) produção de vagens por planta (gramas);
- (b) produção de grãos por planta (gramas);
- (c) número de vagens por planta (contagem);
- (d) número de grãos por planta (contagem) e;
- (e) porcentagem de vagens com dois lóculos por planta (%).

2.4 Análises estatísticas e genéticas

O modelo matemático da análise de blocos aumentados de Federer (1956) é expresso por:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + T_i + \epsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = resposta observada do i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco (totalizando n observações);

μ = é a constante comum às observações (uma referência à média geral das observações);

β_j = efeito do j-ésimo bloco j ($j= 1,2,...,b$), com efeito fixo;

T_i = efeito do i-ésimo tratamento ($i=1, 2, \dots p, p+1, p+2, \dots p+t$; sendo p o número de progênies, t o número de testemunhas e $p+t=v$, o número total de tratamentos, com efeito aleatório;

ε_{ij} = erro experimental aleatório do i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco.

Foram realizadas as análises de variância individual e conjunta para os caracteres avaliados. Na análise conjunta foram utilizadas médias ajustadas para as progênies em cada ano, onde os efeitos de bloco e geração foram considerados fixos e as progênies como efeito aleatório.

Os ganhos genéticos para cada caráter em cada geração foram estimados levando em consideração a pressão de seleção de 20%, sendo baseada no comportamento médio das testemunhas.

As estimativas dos parâmetros genéticos foram baseadas na teoria de modelos mistos (HENDERSON et al., 1959), com a estimação dos componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) desenvolvido por Patterson e Thompson (1971). O método BLUP (melhor predição linear não viesada) foi utilizado para a predição dos valores genéticos (HENDERSON, 1973).

Os dados originais de número de insetos foram transformados em $(x+0,5)^{1/2}$ para aproximação dos dados à curva de distribuição normal. Por sua vez, os dados de produção de vagens, produção de grãos, número de vagens e número de grãos foram transformados segundo metodologia de Box-Cox (BOX; COX, 1964), ao passo que, a porcentagem de vagens com dois lóculos, para arco seno $(\text{porcentagem}/100)^{1/2}$.

Para a estimação dos parâmetros genéticos, foi utilizado o procedimento Mixed do software Statistical Analyses System (SAS 9.3, 2011). As análises de variância foram obtidas pelo Proc GLM do mesmo software.

Para o cálculo da estimativa de herdabilidade no sentido amplo, foi utilizada a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100$$

onde:

h^2 = herdabilidade no sentido amplo;

σ_g^2 = variância genética;

σ_f^2 = variância fenotípica.

O ganho genético percentual foi calculado utilizando-se a seguinte expressão:

$$GS = \frac{DS \times h^2}{m\acute{e}dia} \times 100$$

onde:

GS = ganho genético com a seleção;

DS = diferencial de seleção, que corresponde a médias das vinte melhores progênies de acordo com o teste de Tukey a 5% de probabilidade, menos a média das 92 progênies;

h^2 = herdabilidade no sentido amplo;

$m\acute{e}dia$ = média original das progênies.

Para os parâmetros número de tripes e notas de sintomas visuais, foram desejados decréscimos nos valores dos ganhos genéticos, uma vez que o melhoramento genético visa selecionar progênies com valores baixos de infestação e sintomas do inseto.

Para melhor interpretação do ganho genético obtido para cada característica, foi construído o intervalo de confiança por meio da expressão de Resende et al. (1995):

$$IC = GS \pm t \sqrt{\frac{1}{N} (\sigma_g^2 (1 - r_{AA}))}$$

onde:

IC = intervalo de confiança;

GS = ganho genético com a seleção;

t = valor tabelado associado à distribuição de Student;

N = número de progênies selecionadas;

σ_g^2 = variância genética;

r_{AA} = acurácia de seleção.

Neste estudo a acurácia de seleção foi calculada pela raiz quadrada da herdabilidade. Para a construção dos intervalos de confiança foi utilizado o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os resultados de avaliação para a infestação do trips, pode-se observar alguns intervalos de menor e maior ocorrência, pois sua dinâmica populacional pode variar de acordo com a região e, devido à influência de fatores bióticos e abióticos (CHAGAS FILHO et al., 2008).

Na geração F₃ (Figura 4), a maior população de *E. flavens* ocorreu aos 130 dias após a semeadura (DAS) nos genótipos da espécie *A. hypogaea* L. (Runner IAC 886, IAC 503 e L. 335) e nas progênies segregantes. Aos 123 DAS, a maior ocorrência foi registrada no anfidiploide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e em seus genitores silvestres (*A. magna* e *A. cardenasii*). As maiores notas de sintomas visuais foram observadas aos 98 DAS nas progênies segregantes, aos 130 DAS no anfidiploide e em seus genitores silvestres e aos 138 DAS nos genótipos da espécie *A. hypogaea* L. (Figura 4).

Para a geração F₄ a maior infestação do trips-do-prateamento foi observada aos 79 DAS e as maiores notas de sintomas visuais aos 107 DAS, para todos os genótipos avaliados (Figura 5).

A partir da análise das figuras, pode-se observar que os genitores silvestres (*A. magna* e *A. cardenasii*) apresentaram as menores infestações e as menores notas de sintomas visuais de *E. flavens*, seguidos pelo anfidiploide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e pelas progênies segregantes. Tais genótipos foram, portanto, menos infestados e apresentaram menos danos causados pelo inseto quando comparados aos genótipos *A. hypogaea* L., concordando com os resultados de Janini et al. (2010) e Michelotto et al. (2013). A menor infestação e os menores danos exibidos pelos genótipos silvestres se manifestam já na primeira avaliação e se mantém ao longo do ciclo da planta.

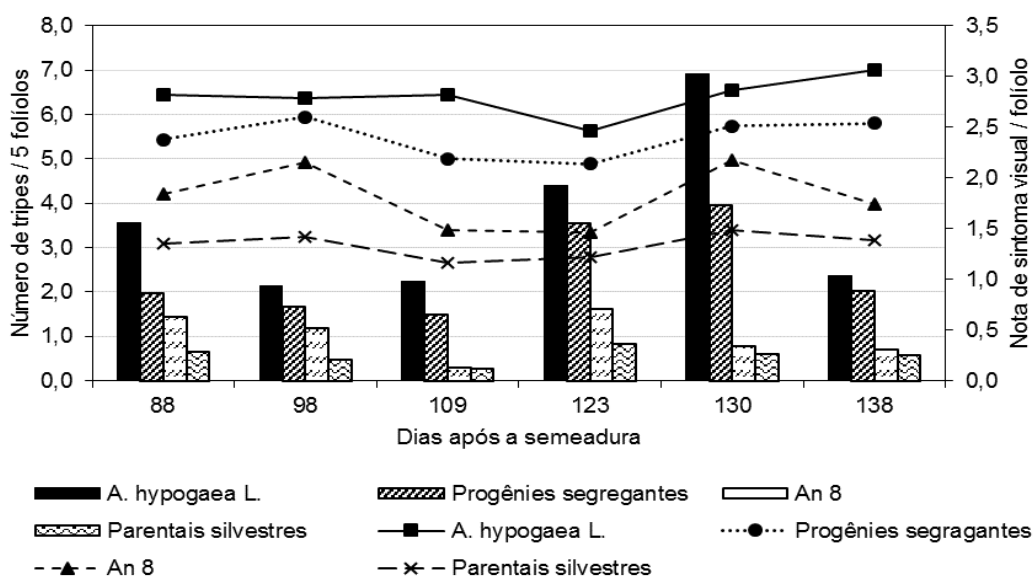


Figura 4. Dinâmica populacional (barras) e notas de sintomas visuais (linhas) de *E. flavens* em genótipos *A. hypogaea* L. (Runner IAC 888, IAC 503 e L. 335), progênie segregante em geração F₃, anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e genitores silvestres (*A. magna* e *A. cardenasii*). Pindorama, SP, 2013/2014.

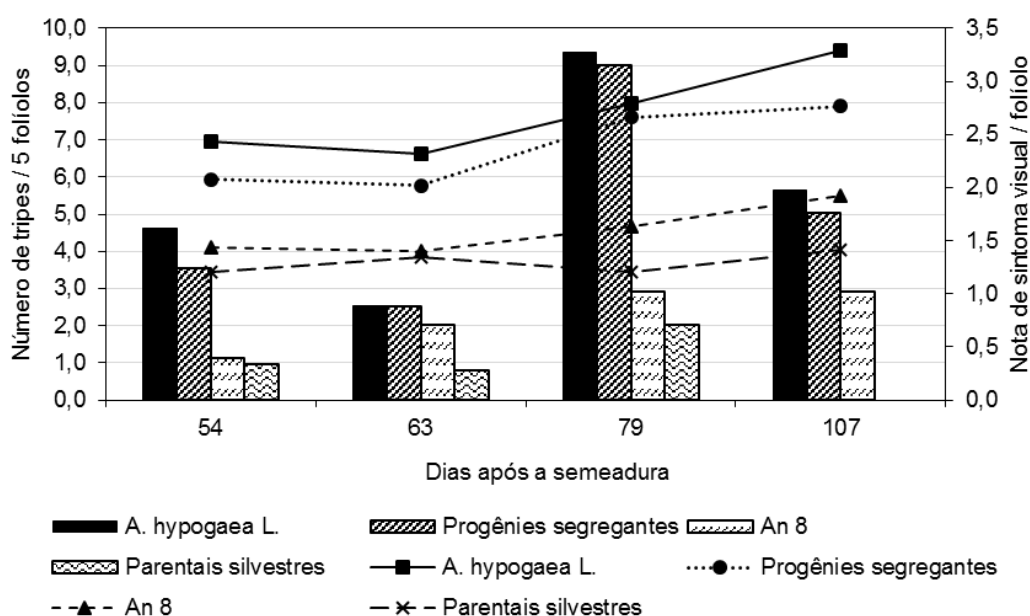


Figura 5. Dinâmica populacional e notas de sintomas visuais de *E. flavens* em genótipos *A. hypogaea* L. (Runner IAC 888, IAC 503 e L. 335), progênie segregante em geração F₄, anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e genitores silvestres (*A. magna* e *A. cardenasii*). Pindorama, SP, 2014/2015.

Através de desempenho médio dos genótipos avaliados pode-se comprovar o observado a partir das figuras, ou seja, que os genótipos *A. hypogaea* L. apresentam maior infestação e maiores danos causados pelo inseto, com destaque para a cultivar Runner IAC 886 com as maiores médias nas duas gerações. Os genitores silvestres apresentaram as menores médias de infestação e danos, com ênfase à espécie silvestre *A. cardenasii* (GKP 10017) (Tabela 3).

Tabela 3. Número de tripes em 5 folíolos (NT) e notas de sintomas visuais por folíolo (NS) em genótipos *A. hypogaea* L. (Runner IAC 888, IAC 503 e L. 335), progênes segregantes, anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e genitores silvestres (*A. magna* e *A. cardenasii*), em duas gerações, F₃ e F₄. Pindorama, SP.

Genótipos	F ₃				F ₄			
	NT ^{1,2}		NS ²		NT ^{1,3}		NS ³	
Progênes	2,77	b	2,43	c	5,05	a	2,39	b
Runner IAC 886	4,81	a	2,90	a	5,21	a	2,73	a
IAC 503	3,21	b	2,88	a	4,36	a	2,71	a
L. 335	2,54	b	2,63	b	3,73	ab	2,58	ab
An. 8	1,27	c	1,81	d	2,24	bc	1,60	c
V 13751	0,61	c	1,39	e	1,44	c	1,37	cd
GKP 10017	0,53	c	1,29	e	0,96	c	1,21	d
Média	2,25		2,19		3,28		2,08	
Teste F	48,07**		181,79**		145,81**		107,73**	
C.V. (%)	7,94		3,83		8,52		6,37	

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. ¹ = dados transformados em $(x+0,5)^{1/2}$, ² = médias de 6 avaliações, ³ = médias de 4 avaliações. Runner IAC 886 e IAC 503 = cultivares comerciais. L.335 = linhagem do programa de melhoramento do IAC. An.8 = anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, V 13751 = espécie silvestre *A. magna*. GKP 10017 = espécie silvestre *A. cardenasii*. ** = significativo a 1%, C.V. = coeficiente de variação (%).

Já as progênes segregantes, quanto a infestação de *E. flavens*, não diferiram significativamente ($p > 0,05$) da cultivar IAC 503 e da linhagem 335, na geração F₃ e, das cultivares Runner IAC 886 e IAC 503 na geração F₄ (Tabela 3). Quanto as notas de sintomas visuais, pode-se observar que estas progênes apresentaram médias de dano menores que os genótipos *A. hypogaea* L. nas duas gerações, enfatizando assim, que estudos quanto ao tipo de resistência apresentado por estes genótipos devem ser realizados nas próximas etapas deste estudo (Tabela 3).

Na análise de variância conjunta para os diferentes caracteres avaliados (Tabela 4), pode-se observar diferença significativa ($p < 0,01$) nas duas gerações, exceto para as notas de sintomas visuais (NS), evidenciando a influência das

gerações. Também foram observados efeitos significativos ($p < 0,01$ ou $p < 0,05$) de progênes para todas as características exceto para número de vagens/planta, indicando existir variabilidade genética nas populações segregantes para a maioria das características estudadas.

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres número de tripes em 5 folíolos (NT), notas de sintomas visuais por folíolo (NS), produção de vagens (PV) (gramas/planta), produção de grãos (PG) (gramas/planta), número de vagens por planta (NV), número de grãos por planta (NG), porcentagem de vagens com dois lóculos por planta (V2). Pindorama, SP.

F.V.	G.L.	Quadrados médios						
		NT ¹	NS	PV (g) ²	PG	NV ²	NG ²	V ₂ ³ (%)
Bloco	3	0,03 ^{ns}	0,08 ^{ns}	1,48 ^{ns}	1,03 ^{ns}	0,77 ^{ns}	1,23 ^{ns}	1,91 ^{ns}
Test. vs Prog.	1	5,26 ^{**}	3,79 ^{**}	27,97 ^{**}	7,53 ^{**}	4,22 [*]	3,96 [*]	2838,17 ^{**}
Geração	1	14,48 ^{**}	0,09 ^{ns}	6,34 ^{**}	20,34 ^{**}	5,01 ^{**}	9,79 ^{**}	1278,00 ^{**}
Progênes	91	0,13 ^{**}	0,09 ^{**}	2,30 ^{**}	1,69 ^{**}	1,01 ^{ns}	1,84 [*]	178,38 ^{**}
Prog. x Ger.	91	0,09 [*]	0,06 ^{**}	1,48 ^{**}	1,20 ^{**}	0,82 ^{ns}	1,39 ^{ns}	73,65 ^{**}
Testemunhas	5	1,89 ^{**}	4,19 ^{**}	23,79 ^{**}	21,03 ^{**}	6,04 ^{**}	17,12 ^{**}	7528,01 ^{**}
Resíduo	39	0,05	0,03	0,73	0,51	0,72	1,08	14,43
Médias ⁴								
Progênes		3,91	2,41	20,99	11,14	42,86	46,22	39,23
Runner IAC 886		5,01	2,82	37,01	24,82	69,38	76,71	77,37
IAC 503		3,79	2,80	25,87	17,05	43,01	62,67	70,38
L. 335		3,14	2,61	16,76	12,85	39,30	53,43	64,16
An. 8		1,76	1,71	5,66	2,52	22,95	33,39	0,71
V 13751		1,03	1,38	2,13	1,25	18,20	15,06	0,25
GKP 10017		0,75	1,25	1,17	0,45	12,98	8,48	0,08
C.V. (%)		11,13	7,34	25,06	27,56	22,96	23,72	10,47

F.V. = fontes de variação, G.L. = graus de liberdade, C.V. = coeficiente de variação (%). ¹ = dados transformados em $(x+0.5)^{1/2}$, ² = dados transformados em Box-Cox, ³ = dados transformados em arco seno $(\%/100)^{1/2}$. ⁴ = médias originais *, ** = significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F, ^{ns} = não significativo pelo teste F. Runner IAC 886 e IAC 503 = cultivares comerciais. L.335 = linhagem do programa de melhoramento do IAC. An.8 = anfidiploide (*A.magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, V 13751 = espécie silvestre *A. magna*. GKP 10017 = espécie silvestre *A. cardenasii*.

Considerando a interação (Prog. x Ger.), as características notas de sintomas visuais, produção de vagens, produção de grãos e porcentagem de vagens com dois lóculos, apresentaram significância ao nível de 1%. Para a característica número de tripes, houve significância a 5%, ao passo que para as características número de vagens e número de grãos por planta, a interação não foi significativa (Tabela 4).

A significância desta interação indica que o comportamento das progênes não foi coincidente nas gerações avaliadas, ou seja, as melhores progênes na geração F₃, não foram, necessariamente, as melhores em F₄. Na literatura, alguns autores descrevem a ocorrência deste tipo de interação (LIMA, RAMALHO; ABREU, 2012).

Os coeficientes de variação oscilaram entre 7,34% para as notas de sintomas visuais a 27,56% para a produção de grãos (Tabela 4), concordando com os resultados obtidos por Ekvised et al. (2006) e Michelotto et al. (2013).

Constata-se que, de maneira geral, há pouca concordância entre as melhores progênies entre gerações, ou seja, tanto os valores fenotípicos quanto os genotípicos foram distintos entre elas (Tabela 5). Tal fato foi observado para todos os caracteres avaliadas sendo que essas diferenças de comportamento encontradas nas progênies no decorrer das gerações, se devem possivelmente à interação geração x progênies, e pela existência de diferença de segregação entre as mesmas.

Com relação ao número de insetos pode-se observar que para a geração F₃, o valor médio das progênies selecionadas quase igualou-se ao valor médio do anfidiptoide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, além de apresentarem redução de aproximadamente 65% na ocorrência do tripes em relação aos genótipos *A. hypogaea* L. (Runner IAC 886, IAC 503 e L. 335), com destaque para as progênies 21, 23 e 57. Para a geração F₄ essa redução aproximou-se dos 30%, evidenciando que tais progênies podem apresentar resistência próxima aos genótipos silvestres, com destaque para a progênie 26 (Tabela 5). Quanto às notas de sintomas visuais destacaram-se as progênies 80 e 88 com a menor média (1,77) na geração F₃ e, a progênie 24 com média de 1,59 na geração F₄. As progênies selecionadas apresentaram redução de cerca de 27 e 22% ao ataque do inseto em relação aos genótipos cultivados da espécie *A. hypogaea* L. (Tabela 5).

Tabela 5. Valores fenotípicos e genotípicos das 20 melhores progênies para os caracteres número de tripes e notas de sintomas visuais, em relação ao comportamento das testemunhas, nas gerações F₃ e F₄. Pindorama, SP.

Número de tripes/5 folíolos						Notas de sintomas visuais/folíolo					
F ₃			F ₄			F ₃			F ₄		
Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP
21	0,75	-1,72	26	1,85	-1,62	80	1,77	-0,59	24	1,59	-0,41
23	0,75	-1,72	39	2,14	-1,45	88	1,77	-0,59	77	1,96	-0,25
57	0,75	-1,70	65	2,64	-1,28	24	1,81	-0,56	65	2,00	-0,17
54	0,92	-1,55	66	2,68	-1,25	67	1,92	-0,45	66	2,01	-0,17
71	1,00	-1,64	32	2,70	-1,11	77	1,93	-0,45	80	2,01	-0,22
64	1,08	-1,41	33	2,72	-1,10	41	1,98	-0,41	64	2,10	-0,12
68	1,16	-1,41	60	2,84	-1,16	46	2,01	-0,38	57	2,11	-0,11
26	1,16	-1,37	37	2,98	-0,95	63	2,02	-0,36	59	2,11	-0,11
28	1,16	-1,37	48	3,03	-1,05	50	2,06	-0,33	16	2,13	-0,13
31	1,16	-1,37	57	3,03	-1,05	70	2,07	-0,32	48	2,14	-0,10
77	1,33	-1,35	44	3,09	-0,88	19	2,10	-0,32	61	2,15	-0,09
5	1,42	-1,14	80	3,09	-1,16	75	2,13	-0,26	46	2,15	-0,12
17	1,42	-1,14	41	3,14	-0,85	35	2,14	-0,26	56	2,16	-0,09
69	1,42	-1,12	83	3,36	-1,00	14	2,17	-0,25	43	2,16	-0,12
81	1,50	-1,20	82	3,61	-0,85	71	2,17	-0,23	5	2,17	-0,11
24	1,50	-1,08	73	3,67	-0,81	74	2,17	-0,23	39	2,17	-0,11
55	1,58	-0,98	77	3,73	-0,78	76	2,17	-0,23	17	2,19	-0,10
56	1,58	-0,98	88	3,73	-0,78	39	2,18	-0,23	63	2,19	-0,07
2	1,59	-0,98	59	3,73	-0,63	61	2,19	-0,21	8	2,20	-0,09
14	1,59	-0,99	90	3,77	-0,75	10	2,20	-0,23	41	2,20	-0,10
MS	1,24	-1,31		3,08	-1,02		2,05	-0,34		2,09	-0,14
MO	2,77			5,05			2,43			2,39	
IAC 886 ¹		4,81			5,21			2,90			2,73
IAC 503 ¹		3,21			4,36			2,88			2,71
L. 335 ¹		2,54			3,73			2,63			2,58
An. 8 ¹		1,27			2,24			1,81			1,60
V 13751 ¹		0,61			1,44			1,39			1,37
GKP 10017 ¹		0,53			0,96			1,29			1,21

Prog = progênies selecionadas para o cálculo do ganho genético; MA = média ajustada; BLUP = melhor predição linear não viesada; MS = média das progênies selecionadas; MO = média original da população; ¹ = testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, genitores silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*).

A produção média de vagens e grãos das progênies selecionadas superou em 118% e 40% a média de produção dos genótipos *A. hypogaea* L. na geração F₃, com destaque para as progênies 49 com 131,30 g/planta de vagens e 45 com 61,79 g/planta de grãos e, em 64% e 53% na geração F₄, destacando-se a progênie 47 com 88,21 g/planta de vagens e 60,67 g/planta de grãos (Tabela 6).

Tabela 6. Valores fenotípicos e genotípicos das 20 melhores progênies para os caracteres produção de vagens e produção de grãos por planta (gramas), em relação ao comportamento das testemunhas, nas gerações F₃ e F₄. Pindorama, SP.

Produção de vagens (g)						Produção de grãos (g)					
F ₃			F ₄			F ₃			F ₄		
Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP
49	131,30	106,45	47	88,21	26,38	45	61,79	46,27	47	60,67	18,44
47	96,13	73,15	79	64,27	15,76	47	45,12	33,56	79	40,01	9,64
75	92,59	68,07	77	63,54	15,46	75	44,43	30,89	77	38,01	8,84
79	78,07	54,32	34	52,59	13,56	38	43,29	29,74	7	32,08	8,24
38	77,10	53,98	7	50,87	13,10	89	36,03	23,29	76	31,77	6,34
45	60,77	38,51	51	50,12	10,64	79	34,88	22,36	34	30,22	7,50
89	59,30	36,55	76	47,83	8,96	27	29,18	17,13	27	27,05	6,23
71	57,77	35,10	78	45,92	8,18	55	20,20	11,30	6	26,57	6,04
27	53,18	31,32	9	44,04	10,27	91	19,84	8,93	51	26,54	4,78
91	42,91	21,03	54	42,96	7,68	70	19,69	8,79	54	25,63	4,41
36	40,34	19,17	27	41,75	9,08	88	18,81	8,14	56	24,65	4,02
55	37,69	17,81	90	41,08	6,18	71	18,25	7,51	82	22,97	2,82
19	37,62	17,86	82	40,30	5,85	74	17,45	6,79	90	22,79	2,74
34	37,57	16,54	8	37,15	7,43	34	17,37	6,58	14	21,73	4,10
13	36,62	16,91	56	37,04	5,24	36	16,09	5,98	74	21,30	2,15
88	36,37	14,84	6	36,40	7,12	19	14,26	5,42	8	20,78	3,72
41	36,09	15,14	64	35,26	4,50	13	14,09	5,27	89	20,70	1,91
53	31,53	11,97	72	33,62	3,09	15	14,03	5,22	3	20,50	3,61
23	30,35	10,97	55	33,38	3,72	48	13,75	5,54	72	20,13	1,68
70	29,94	8,75	74	32,75	2,73	40	13,10	2,77	55	20,04	2,17
MS	55,16	33,42		45,95	9,25		25,61	14,57		27,70	5,47
MO	19,61			22,37			8,90			13,38	
IAC 886 ¹	41,68			32,33			26,56			23,07	
IAC 503 ¹	21,50			30,24			16,32			17,77	
L. 335 ¹	12,64			20,88			12,10			13,60	
An. 8 ¹	3,17			8,14			1,86			3,17	
V 13751 ¹	1,34			2,91			0,80			1,70	
GKP 10017 ¹	0,44			1,89			0,23			0,66	

Prog = progênies selecionadas para o cálculo do ganho genético; MA = média ajustada; BLUP = melhor predição linear não viesada; MS = média das progênies selecionadas; MO = média original da população; ¹ = testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiplóide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, genitores silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*).

Com relação ao número de vagens e grãos, pode-se destacar a progênie 75 com 259,00 vagens/planta e 239,00 grãos/planta na geração F₃, onde foram obtidos aumentos de 117% e 55%, respectivamente, em relação aos genótipos *A. hypogaea* L. Na geração F₄ destacou-se a progênie 79 com 167,03 vagens/planta e 186,68 grãos/planta e incrementos médios de 77% no número de vagens e 79% no número

de grãos por planta (Tabela 7).

Tabela 7. Valores fenotípicos e genotípicos das 20 melhores progênes para os caracteres número de vagens e número de grãos por planta, em relação ao comportamento das testemunhas, nas gerações F₃ e F₄. Pindorama, SP

Número de vagens/planta						Número de grãos/planta					
F ₃			F ₄			F ₃			F ₄		
Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP
75	259,00	195,89	79	167,03	96,64	75	289,00	158,62	79	186,68	107,35
79	155,00	101,58	77	143,89	76,70	79	183,00	112,18	47	154,75	83,89
49	144,46	99,87	81	116,14	52,78	38	165,59	99,91	27	137,34	74,61
38	125,81	77,33	47	113,61	56,20	45	146,59	84,15	77	135,37	64,58
45	120,81	72,79	82	113,14	50,20	47	135,97	87,02	6	120,42	61,75
47	115,46	73,67	76	112,31	49,48	27	120,59	62,59	81	116,91	49,19
27	109,81	62,82	78	109,81	47,33	89	120,00	59,94	34	111,31	52,92
71	106,00	57,15	34	105,41	52,99	36	104,59	49,32	82	110,74	44,05
89	104,00	55,33	9	92,92	45,05	13	100,44	50,25	9	101,64	46,10
41	85,81	41,06	64	88,86	34,87	71	99,00	42,53	7	93,52	39,33
34	83,81	39,24	74	87,92	28,46	88	86,00	31,75	58	90,82	30,70
36	82,81	28,34	27	81,80	32,65	91	83,00	29,26	74	90,68	27,32
13	82,73	41,18	75	81,52	22,95	34	79,59	28,59	54	89,25	29,39
88	76,00	29,94	54	78,30	25,77	74	77,00	24,28	76	88,57	25,57
23	71,73	31,21	51	77,53	25,11	19	74,44	28,69	51	87,08	27,58
19	69,73	29,40	58	72,86	21,08	23	74,44	28,69	78	86,91	24,18
74	66,00	20,88	90	71,97	14,72	41	70,59	21,13	64	83,25	24,39
91	63,00	18,16	6	71,53	26,62	15	65,44	21,23	56	83,15	24,31
78	54,00	9,99	56	70,96	19,44	78	65,00	14,33	55	80,81	22,36
83	53,00	9,09	72	69,14	12,88	64	54,97	19,85	90	73,57	13,06
MS	101,45	55,25		96,33	39,57		107,26	52,72		106,14	43,64
MO	38,76			46,96			40,92			51,52	
IAC 886 ¹	61,85			76,90			90,09			63,32	
IAC 503 ¹	41,18			44,83			63,42			61,91	
L. 335 ¹	37,34			41,25			53,98			52,88	
An. 8 ¹	16,09			29,81			31,59			35,19	
V 13751 ¹	12,27			24,13			10,36			19,75	
GKP 10017 ¹	3,90			22,06			3,13			13,83	

Prog = progênes selecionadas para o cálculo do ganho genético; MA = média ajustada; BLUP = melhor predição linear não viesada; MS = média das progênes selecionadas; MO = média original da população; ¹ = testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiplóide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, genitores silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*).

Na espécie comercial, *A. hypogaea* L., dependendo da cultivar, as vagens caracterizam-se por possuir duas ou mais sementes bem desenvolvidas. Muitas espécies silvestres possuem grande número de vagens com apenas uma semente muito pequena, constituindo em importante limitação agrônômica (SANTOS et al.,

2013). O anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, utilizado no cruzamento deste trabalho, possui essas características, além de número relativamente pequeno de vagens.

Considerando, portanto, que as espécies silvestres e os anfidiplóides apresentam em sua maioria, vagens uniloculadas (com um só grão), esta variável é forte indicadora do grau de adequação agrônômica dos genótipos (SANTOS et al., 2013). As progênies selecionadas obtiveram média próxima aos genótipos *A. hypogaea* L., porém, com pequena redução de 11% e 14% na porcentagem de vagens com dois lóculos em relação a estes genótipos. Pode-se destacar a progênie 49 com 83,24% de vagens com dois lóculos na geração F₃ e a progênie 43 com 80,41% na geração F₄. Ambas, apresentaram médias superiores à cv. Runner IAC 886, com 79,38% e 75,36% nas respectivas gerações, cultivar considerada de excelente potencial produtivo (Tabela 8).

Algumas progênies segregantes selecionadas como resistentes, nas duas gerações avaliadas, também apresentaram bons componentes de produção, porém, com grau de adequação agrônômica aos genótipos *A. hypogaea* L. ainda pequeno, sendo elas: 5, 17, 41, 56, 57, 63, 64 e 77 (Tabelas 5 a 8). Estas progênies são de grande valia, pois indicam a possibilidade de sua utilização em cruzamentos na sequência do melhoramento.

Além disso, os melhores valores fenotípicos coincidiram com os maiores valores genéticos preditos (BLUP) para todas as características nas duas gerações (Tabelas 5 a 8), concordando com os resultados obtidos por Michelotto et al. (2015). O BLUP constitui numa função dos valores fenotípicos que têm como objetivo comum prever os verdadeiros valores genéticos, podendo ser usado como ferramenta de seleção em várias culturas (BALDISSERA et al., 2012; PINHEIRO, et al. 2013; REGITANO NETO et al., 2013). Na cultura do amendoim, o BLUP vem sendo utilizado como auxiliador na seleção de linhagens em fases iniciais de programas de melhoramento (LUZ et al., 2010) e na identificação de fontes de resistência às doenças fúngicas da parte aérea, em acessos e híbridos interespecíficos do gênero *Arachis* L. (MICHELOTTO et al., 2015).

Tabela 8. Valores fenotípicos e genotípicos das 20 melhores progênies para o caráter porcentagem de vagens com dois lóculos, em relação ao comportamento das testemunhas, nas gerações F₃ e F₄. Pindorama, SP.

Porcentagem de vagens com dois lóculos					
F ₃			F ₄		
Prog	MA	BLUP	Prog	MA	BLUP
49	83,24	46,36	43	80,41	34,64
17	79,79	43,17	49	77,39	31,01
57	73,96	37,26	47	74,83	28,65
55	66,23	29,68	57	65,34	19,92
2	65,64	29,30	3	63,34	19,01
5	64,08	27,77	17	61,52	17,33
47	63,58	27,08	37	61,01	16,79
38	63,19	27,25	72	60,82	17,19
59	62,12	25,65	56	60,44	15,41
18	62,01	25,74	59	59,85	14,87
56	59,57	23,15	55	59,38	14,44
4	59,15	22,93	84	57,38	14,02
32	52,02	23,16	58	57,17	12,40
91	57,14	21,30	5	56,88	13,06
53	56,10	19,74	45	56,73	12,85
54	56,10	19,74	7	56,06	12,31
51	55,21	18,87	1	55,63	11,91
15	54,21	18,38	6	55,47	11,76
63	52,81	16,52	4	55,39	11,69
14	52,01	15,93	18	55,29	11,60
MS	62,28	25,95		61,52	17,04
MO	35,64			42,82	
IAC 886 ¹		79,38			75,36
IAC 503 ¹		68,43			72,32
L. 335 ¹		62,12			66,19
An. 8 ¹		0,00			1,42
V 13751 ¹		0,00			0,49
GKP 10017 ¹		0,00			0,16

Prog = progênies selecionadas para o cálculo do ganho genético; MA = média ajustada; BLUP = melhor predição linear não viesada; MS = média das progênies selecionadas; MO = média original da população; ¹ = testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, genitores silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*).

Pode-se inferir que, de maneira geral, a variância genética foi maior que a variância ambiental para a maioria dos caracteres avaliados nas duas gerações, com exceção dos caracteres produção de vagens e produção de grãos na geração F₄, sendo estes, altamente influenciadas pelo ambiente. (Tabela 9). Esta razão entre as variâncias caracteriza uma situação favorável ao processo seletivo.

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos das progênes de amendoim nas gerações F₃ e F₄. Pindorama, SP.

Características	Ger	Parâmetros genéticos				
		σ_g^2	σ_e^2	h^2	G.S. (%)	I.C.
Número de tripes/ 5 folíolos	F ₃	1,46	0,23	0,86	-47,50	-47,63 a -47,37
	F ₄	1,25	0,85	0,59	-23,01	-23,23 a -22,79
Notas de sintomas visuais/ folíolo	F ₃	0,08	0,01	0,91	-14,23	-14,29 a -14,24
	F ₄	0,02	0,02	0,52	-6,53	-6,56 a -6,50
Produção de vagens (g/planta)	F ₃	514,25	28,82	0,95	172,23	170,75 a 173,71
	F ₄	98,96	140,49	0,41	43,22	40,77 a 45,66
Produção de grãos (g/planta)	F ₃	109,97	13,13	0,89	167,10	166,08 a 168,12
	F ₄	38,17	57,18	0,40	42,81	41,27 a 44,34
Número de vagens/planta	F ₃	1488,50	152,99	0,91	147,18	143,79 a 150,57
	F ₄	832,87	133,55	0,86	90,41	87,22 a 93,60
Número de grãos/planta	F ₃	1454,15	299,46	0,83	134,56	129,90 a 139,22
	F ₄	1019,75	203,57	0,80	88,00	83,75 a 92,25
% de vagens com dois lóculos/planta	F ₃	364,18	7,18	0,98	73,26	72,48 a 74,04
	F ₄	183,63	15,92	0,92	40,18	39,06 a 41,30

σ_g^2 = variância genética, σ_e^2 = variância ambiental, h^2 = herdabilidade no sentido amplo, G.S. = ganho com a seleção (%), I.C. = intervalo de confiança.

Um dos parâmetros de maior utilidade para os melhoristas é o coeficiente da herdabilidade (h^2), pois permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção e reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (RAMALHO et al., 2012). De modo geral, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram de média e alta magnitude para todos os caracteres ao longo das gerações. Em F₃ variaram de 98% para o caráter porcentagem de vagens com dois lóculos a 83% para o caráter número de grãos/planta. Em F₄ variaram de 92% para o caráter porcentagem de vagens com dois lóculos a 40% para o caráter produção de grãos por planta (Tabela 9).

Com relação à infestação de tripes em progênes F₄ de amendoim (*A. hypogaea* L.), Ekvised et al. (2006) obtiveram h^2 variando de 0% a 80% no número de insetos e de 0% a 88% nos sintomas de ataque. Para a característica número de vagens, Luz et al. (2010) encontraram h^2 variando de 25,8% a 31,69%. Sikinarum et al. (2007) encontraram valores de h^2 mais elevados variando de 55% a 99% para a mesma característica.

Pode-se observar decréscimo nos coeficientes de herdabilidade da geração F₃ para a geração F₄ (Tabela 9) permitindo inferir que esta não é uma medida constante e, portanto, vários fatores podem alterá-la, como por exemplo, o decréscimo na variabilidade genética mediante aumento da endogamia, característica pertencente à

estrutura genética das populações de plantas autógamas perfeitas, como o amendoim e; de elevada interação progênes x gerações (RAMALHO et al., 2012).

Além do desempenho médio das progênes, os ganhos com a seleção devem ser considerados de grande relevância dentro de um programa de melhoramento. Pode-se observar que, de modo geral, os ganhos foram relativamente maiores na geração F₃ (Tabela 9) em decorrência, principalmente, dos maiores coeficientes de herdabilidade nesta geração.

É importante salientar que para os caracteres relacionadas à resistência, é esperado ganho no sentido negativo, ou seja, pelo fato do intuito de diminuir a ocorrência e os danos causados pelo inseto-praga. Na geração F₃ os ganhos foram de -47,50% e -14,23% no número e sintomas de tripes e na geração F₄, foram de -23,01% e -6,53%. Para os componentes de produção, os maiores ganhos na geração F₃ foram obtidos para o número de vagens (147,18%), número de grãos (134,56%) e produção de vagens (172,23%). Na geração F₄ os maiores ganhos para os componentes de produção foram obtidos para o número de grãos (88,00%) e número de vagens (90,41%) (Tabela 9).

Juntamente com os ganhos genéticos, a seleção também deve ser baseada no intervalo de confiança, onde deve-se levar em consideração, principalmente, os limites inferiores (RESENDE et al., 1995). Analisando-os, pode-se observar que estes foram maiores na geração F₃ e apresentaram as menores amplitudes para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção do número de vagens e de grãos (Tabela 9). Tal fato é um indicativo de que a seleção nesta geração, permitiu os maiores limites inferiores e com intervalos menos amplos, assim como o maior ganho genético.

4 CONCLUSÕES

As progênes obtidas do cruzamento entre a cultivar comercial IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} apresentam ampla variabilidade quanto aos componentes de produção e de resistência ao tripes.

Ao longo das gerações avaliadas, as progênes segregantes selecionadas, apresentaram maior nível de resistência ao tripes-do-prateamento, tendo o anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} como fonte de resistência ao inseto.

Os coeficientes de herdabilidade e os ganhos com a seleção foram superiores na geração F₃ indicando que por meio da seleção precoce e avanço de gerações pelo método genealógico, podem-se obter progênies com níveis de resistência próximos aos dos genitores silvestres.

Apesar de algumas progênies segregantes selecionadas como resistente apresentarem bons componentes de produção, sendo elas: 5, 17, 41, 56, 57, 63, 64 e 77, seu grau de adequação agrônômica aos genótipos *A. hypogaea* L. ainda é pequeno, o que sugere o uso de retrocruzamentos em gerações futuras.

5 REFERÊNCIAS

BALDISSERA, J. N. C.; BERTOLDO, J. G.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; ROZETO, D. S.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. (2012). Uso do melhor preditor linear não-visado (BLUP) na predição de híbridos em feijão. **Bioscience Journal**, v.28, n. 3, p. 395-403, 2012. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/12330>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

BOIÇA JÚNIOR, A. L.; CHAGAS FILHO, N. R.; GODOY, I. J.; LOURENÇÃO, A. L.; SOUZA, J. R. Avaliação de resistência de cultivares de amendoim de hábito rasteiro a *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 79, n. 1, p. 33-38, 2012. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1808-16572012000100005>>. Acesso em: 14 de jan. 2016

BOX, G. E. P.; COX, D. R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)**, v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964. Disponível em: <<http://fisher.osu.edu/~schroeder.9/AMIS900/Box1964.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Safra 2014/15**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>> Acesso em: 18 de nov. 2015.

CENTRO INTEGRADO DE INFORMAÇÕES AGROMETEREOLÓGICAS. **Ciiagro online**: resenha agrometeorológica. Disponível em: <<http://www.ciiagro.sp.gov.br/ciiagroonline/>> Acesso em: 27 de out. 2015.

CHAGAS FILHO, N. R.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; LOURENÇÃO, A. L.; RIBEIRO, Z. A. Resistência de cultivares de amendoim de hábito de crescimento ereto a *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 75, n. 2, p. 149-156, 2008. Disponível em: <http://www.biologico.sp.gov.br/rev_arq.php?vol=75&num=2>. Acesso em 14 de jan. 2016.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Embrapa, 2013. 353p.

EKVIDED, S.; JOGLOY, S. AKKASAENG, C.; KEERATI-KASIKORN, M.; KESMALA, T.; BUDDHASIMMA, I.; PATANOTHAI, A. Heritability and correlation of thrips resistance and agronomic traits in peanut. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 5, n. 6, p. 923-931, 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.3923/ajps.2006.923.931>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

FÁVERO, A. P.; GODOY, I. J.; SUASSUNA, T. M. F. Uso de espécies silvestres no pré-melhoramento do amendoim. In: LOPES, M. A. et al. (Ed.) **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**, Brasília: EMBRAPA, 2011. Cap. 3, p. 266-291.

FÁVERO A. P.; MORAES, S. A.; GARCIA, A. A. F.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Characterization of rust, early and late spot resistance in wild and cultivated peanut germplasm. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 66, p. 110-117, 2009. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162009000100015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FÁVERO A. P.; SIMPSON C. E.; VALLS J. F. M.; VELLO N. A. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A.duranensis*, and *A.hypogaea*. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1546-1552, 2006. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.2135/cropsci2005.09-0331>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaian Planters' Record**, Aiea, v. 55, p.191-208, 1956. Disponível em: <<https://ecommons.cornell.edu/bitstream/handle/1813/32841/BU-74-M.pdf?sequence=1&isAllowed=y>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R. P. L.; BATISTA, G. C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J. R. P.; ZUCCHI, R. A.; ALVES, S. B.; VENDRAMIN, J. D.; MARCHINI, L. C.; LOPES, J. R. S.; OMOTO, C. **Entomologia Agrícola**. Piracicaba SP. FEALQ, 2002, 920 p.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; SANTOS, R. C.; ZANOTTO, M. Melhoria do amendoim. In: Borém, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**, Viçosa, Editora UFV, 2005 (2ª Ed). p. 54-95.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; KROSIGK, C. M. V. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Iowa, v. 15, n. 2, p. 192-218, 1959. Disponível em: <<http://www.lce.esalq.usp.br/arquivos/aulas/2012/LCE5872/Henderson1959.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

HENDERSON, C. R. **Maximum likelihood estimation of variance components**. Unpublished manuscript, Department of Animal Science, Cornell University, Ithaca, New York, 1973.

HOLBROOK, C.; STALKER, T. H. Peanut breeding and genetic resources. In: JANICK, J. (Ed.) **Plant Breeding Reviews**, v. 22, 2003. Cap. 6, p. 297-356.

JANINI, J. C.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Avaliação de espécies silvestres e cultivares de amendoim para resistência a *Enneothrips flavens* Moulton. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 891-898, 2010. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000400015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

KÖPPEN, W. **Climatologia**. México: Fondo de Cultura Económica, 1948. 478p.

LEPSCH, I. F.; VALADARES, J. M. A. S. Levantamento pedológico detalhado da Estação Experimental de Pindorama, SP. **Bragantia**, Campinas, v. 35, p. 13-40, 1976. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v35n1/02.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

LIMA, L. K.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Implications of the progeny x environment interaction in selection index involving characteristics of common bean. **Genetic and Molecular Research**, v. 11, n. 4, p. 4093-4099, 2012. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.4238/2012.September.19.5>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; SILVA FILHO, J. L.; MELO FILHO, P. A. Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de amendoim baseadas em descritores associados ao ginóforo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 1, p. 132-138, 2010. Disponível em: <<http://ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/555>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D.; GODOY, I. J.; FAVERO, A. P.; CARREGA W. C; FINOTO, E. L. Occurrence of *Enneothrips flavens*, Moulton, and *Stegasta bosquella*, Chambers, and its effects on agronomic traits of wild *Arachis* accessions. **Bioscience Journal (Online)**, v. 29, p. 115-124, 2013. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14062>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D.; BARIONI Jr.; W., de RESENDE, M. D. V.; GODOY, I. J.; LEONARDECZ, E.; FÁVERO, A. P. Identification of fungus resistant wild accessions and interspecific hybrids of the genus *Arachis*. **PLoS ONE**, [s.l.], v.10, n.6, p. 1-17, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128811>>. Acesso em: 13 de jan. 2016.

MORAES, A. R. A. de. **Efeito da infestação de *Enneothrips flavens* Moulton no desenvolvimento e produtividade de seis cultivares de amendoim, em condição de campo**. 2005. 104f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia da Produção). IAC, Campinas, 2005.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971. Disponível em: <<http://www.lce.esalq.usp.br/arquivos/aulas/2012/LCE5872/Patterson.Thompson.71.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PEROZINI, A. C.; SILVA, P. S.; GOUSSAIN, R. C. S. Resistência ao ***Enneothrips flavens*** Moulton (Thysanoptera: Thripidae) e o potencial produtivo em genótipos de amendoim de hábito de crescimento rasteiro. **Vértices**, Campos dos Goytacazes, v.16, n.2, p. 79-92, 2014. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.5935/1809-2667.20140019>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PINHEIRO, L. C. M.; GOD, P. I. V. G.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para a produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, 2013. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000900008>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522p.

REGITANO NETO, A.; RAMOS JUNIOR, E. U.; GALLO, P. B.; FREITAS, J. G.; AZZINI. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 3, p. 512-519, 2013. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902013000300013>>. Acesso em> 15 de jan. 2016.

RESENDE, M.D.V.; ARAUJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 25, n. 1/2, p. 3-16, 1995. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/46539/1/Acuracia-seletiva-intervalos-de-confianca-e-variencias-de-ganhos-geneticos-associados-a-22-metodos-de-selecao-em-Pinus-carimbaea-var.hondurensis.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P.; MOURA, N. F.; MICHELOTTO, M. D.; MARTINS, A. L. M. Resistência à mancha preta em populações F₄ selecionadas de cruzamentos entre um amendoim cultivado e um anfidiplóide de *Arachis*. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 512-518, 2011. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000001>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Resistência à mancha preta e qualidade agronômica de plantas RC₁F₂ de cruzamentos do híbrido anfidiplóide (*Arachis ipaënsis* x *Arachis duranensis*) com o amendoim cultivado (*A. hypogaea*). **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, p. 280 - 287, 2013. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14110>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SIKINARUM, J.; JAISIL, P.; JOGLOY, S.; TOOMSAM, B.; KESMALA, T.; PATANOTHAI, A. Heritability and correlation for nitrogen fixation and related traits in peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Pakistan Journal of Biological Science**, v. 10, n. 12, p. 1956-1962, 2007. Disponível em: <<http://docsdrive.com/pdfs/ansinet/pjbs/2007/1956-1962.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SIMPSON, C. E. Pathways for introgression of pest resistance into *Arachis hypogaea* L. **Peanut Science**, Raleigh, v. 18, p. 22-26, 1991. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/i0095-3679-18-1-8>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. Institute Inc. **The SAS System, release 9.3**. Cary: NC, 2011.

WYNNE, J.C.; HALWARD, T.M. Germplasm enhancement in peanut. In: STALKER, H. T.; CHAPMAN, C. (Ed.). **Science Management of Germplasm: Characterization, Evaluation and Enhancement**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1989, p.155-174.

CAPÍTULO 3 - Seleção de genótipos interespecíficos de amendoim para resistência ao tripes-do-prateamento por meio de análises multivariadas

RESUMO – Um dos principais fatores que afetam a produção de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é a incidência de pragas, com destaque para o tripes-do-prateamento. Trabalhos que estudam a resistência de plantas a insetos levam em consideração diversos parâmetros. Assim, a utilização de técnicas multivariadas é uma opção viável para a seleção de genótipos, uma vez que permite a análise de várias características simultaneamente. Dentre as técnicas multivariadas podemos destacar a análise por componentes principais e a análise de agrupamento. Este trabalho teve como objetivo a seleção de genótipos derivados do cruzamento entre a cultivar IAC 503 e o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} por meio de estratégias de análises multivariadas. Para tanto, foram analisadas progênies de geração F₄ conduzidas no esquema de blocos aumentados de Federer com testemunhas intercalares. A resistência ao tripes foi avaliada pela sua infestação natural e pelos sintomas de injúrias causadas pelo inseto. Foram avaliados também caracteres agronômicos como indicadores da proximidade dos genótipos segregantes ao cultivado. Para as técnicas multivariadas, utilizou-se a análise de componentes principais e análise de agrupamento pelo método hierárquico, utilizando a distância euclidiana e a ligação entre grupos pelo método de Ward e o método não hierárquico *K-means*. Na análise de componentes principais dois autovalores explicaram 78,39% da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelas variáveis produção de vagens e de grãos, número de vagens e grãos, número de tripes e notas de sintomas visuais, que permitiram discriminar vinte e quatro progênies com base nas características de importância agrônômica avaliadas. As análises de *K-means* e o dendrograma formaram nove grupos, sendo que, as progênies selecionadas pelos componentes principais, foram agrupadas em um mesmo conjunto, indicando concordância entre os resultados das análises multivariadas. Sendo assim, estas análises foram eficientes na seleção de progênies segregantes de gerações iniciais de amendoim, com ênfase nos caracteres relacionadas à resistência ao tripes-do-prateamento e aos componentes de produção.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L., *Enneothrips flavens*, resistência à insetos, componentes principais, análise de agrupamento

1 INTRODUÇÃO

Uma das limitações da produção de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é o seu alto custo agrícola em função da necessidade de muitas aplicações para o controle químico de pragas e doenças. Assim, a busca por cultivares resistentes é a forma mais adequada de reduzir o custo, tornando a cultura mais rentável e com maior sustentabilidade ambiental (GODOY et al., 2005).

Entre as pragas que ocorrem no Brasil, o tripses-do-prateamento - *Enneothrips flavens*, Moulton, 1941 (Thysanoptera: Thripidae), é considerado praga-chave da cultura (GALLO et al., 2002). Alguns trabalhos envolvendo cultivares atuais têm sugerido uma reduzida variabilidade para resistência e, ou, tolerância a este inseto (BOIÇA JÚNIOR et al., 2012; PEROZINI; SILVA; GOUSSAIN, 2014), fato que dificulta o processo de seleção de genótipos superiores para este caráter.

Desse modo, tem-se sugerido que a resistência genética a esta praga, pode ser encontrada em outras espécies do gênero *Arachis* L. (WYNNE; HALWARD, 1989). Entretanto, a utilização de espécies silvestres no melhoramento muitas vezes torna-se difícil em função de barreiras de esterilidade, sendo a maioria devido às diferenças de constituição genotípica e mesmo de ploidias (FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

A espécie cultivada, alotetraploide, possui dois genomas (A e B), enquanto as espécies silvestres, diploides, possuem alternativamente, genomas A ou B. O cruzamento entre espécies dos dois grupos fornece híbridos diploides estéreis AB. Para contornar essa incompatibilidade, Simpson (1991) sugeriu a obtenção de anfidiplóides, resultantes do cruzamento de espécies diploides de genomas A e B, seguido da duplicação de cromossomos com o uso de colchicina, para então cruzar o anfidiplóide tetraploidizado com o amendoim cultivado.

Trabalhos de pré-melhoramento, envolvendo cruzamentos de *A. hypogaea* L. com germoplasma silvestre vêm sendo realizados no Brasil, com o objetivo de identificar fontes de resistência às principais pragas e doenças da parte aérea (FÁVERO et al., 2006, 2009; JANINI et al., 2010; MICHELOTTO et al., 2015; SANTOS et al., 2011, 2013). Um dos cruzamentos realizados envolveu uma cultivar elite do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC 503) e um anfidiplóide sintético (*A. magna* x

A. cardenasii)^{4x}. Este anfidiplóide tem sido estudado devido a sua resistência ao tripses-do-prateamento por possuir *A. cardenasii* como um de seus genitores silvestres, sendo esta espécie citada na literatura como fonte de resistência a diversos agentes bióticos constituindo-se um importante germoplasma para uso no melhoramento genético do amendoim (HOLBROOK; STALKER, 2003).

Trabalhos que estudam a resistência de plantas a insetos levam em consideração diversos parâmetros, entretanto, estes são analisados individualmente por ferramentas estatísticas univariadas. Métodos que analisem todos os parâmetros relacionados ao inseto concomitantemente, propiciando a formação de grupos de genótipos similares em função de todas as informações coletadas durante o ensaio, tornam-se interessantes para estudos de resistência de plantas a insetos, pelo fato de muitos fatores estarem inter-relacionados de maneira que seus diferentes efeitos não podem ser significativamente interpretados de forma separada (PITTA et al., 2010).

Dentre as técnicas de análises multivariadas, merecem destaque as análises de componentes principais e de agrupamento (MOREIRA et al., 2009). A análise de componentes principais, tem sido utilizada para investigar a estrutura de covariâncias entre várias características estudadas, bem como as relações de dependência entre elas, o que auxilia muito o trabalho do melhorista. Sendo assim, vantajosa em relação aos métodos de análise univariada, que avalia a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos, possibilitando o descarte dos caracteres menos discriminantes (BERTINI et al., 2010). A análise de agrupamento tem por finalidade dividir um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a maximizar sua homogeneidade dentro de grupos e maximizar sua heterogeneidade entre os grupos, por meio do critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Mediante o exposto, este trabalho teve como objetivo selecionar progênies segregantes superiores de amendoim, pertencentes a uma população portadora de fonte de resistência ao tripses-do-prateamento, por meio de técnicas multivariadas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local do experimento

O experimento foi conduzido no ano agrícola de 2014/2015 em área experimental pertencente a Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Polo Regional Centro Norte, em Pindorama, SP, localizada a 21° 13' de latitude sul e 48° 55' de longitude oeste, com altitudes variando entre 498 a 594 m (LEPSCH; VALADARES, 1976). O solo da área é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo de textura arenosa média/abrupto (EMBRAPA, 2013). Segundo a classificação de Köppen (1948), o clima enquadra-se no tipo Aw, definido como tropical úmido com estação chuvosa no verão e seca no inverno. A temperatura média foi de 23,9 °C com precipitação média de 1288 mm (CIIAGRO, 2015).

2.2 Obtenção e condução das progênes segregantes

Para a obtenção das progênes segregantes foi realizada hibridação artificial entre a cultivar comercial IAC 503 (*A. hypogaea* L., progenitor feminino) com o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, pela Embrapa Pecuária Sudeste (CPPSE), seguindo o esquema apresentado na Figura 1.

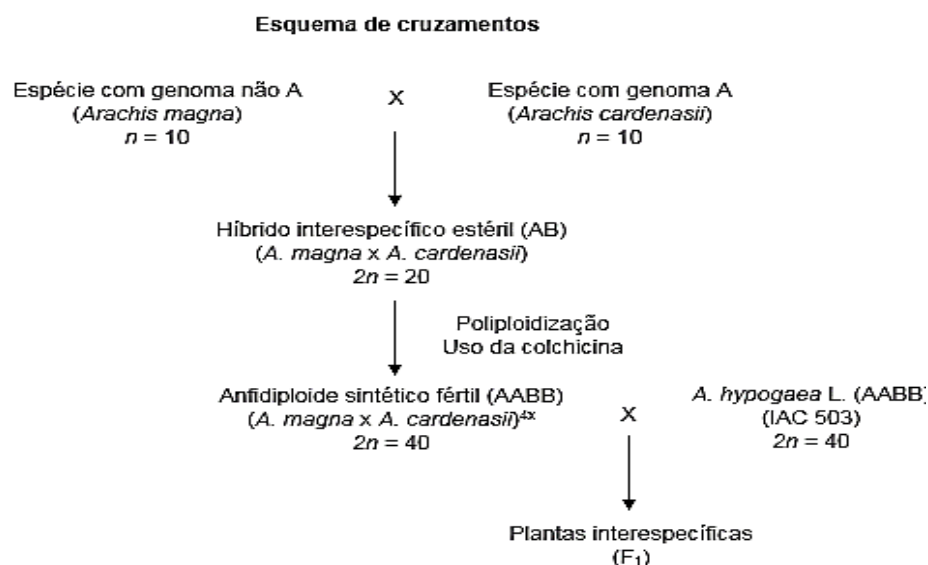


Figura 4. Esquema de cruzamentos usados para a introgressão de genes localizados em espécies silvestres de *Arachis*, no amendoim cultivado (adaptado de FÁVERO; GODOY; SUASSUNA, 2011).

As plantas F₁ foram autofecundadas naturalmente, obtendo-se as sementes F₂. Estas foram semeadas no campo, em área experimental pertencente a Apta, Polo Regional Centro Norte, em Pindorama, SP, no ano agrícola de 2012/2013, em

experimento sob condições de infestação natural do tripses. As plantas F₂ foram avaliadas e ao final do ciclo, colhidas de forma manual. Aquelas que produziram sementes, formaram as famílias em geração F₃ no ano agrícola de 2013/2014.

Estas, foram conduzidas pelo método genealógico, sendo avaliadas plantas individuais, colhidas de modo semelhante ao descrito acima e, aquelas que produziram pelo menos 10 vagens foram selecionadas, gerando 92 progênies, que constituíram o ensaio em geração F₄ (2014/2015), utilizado no presente trabalho (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação das 92 progênies F₄ obtidas do cruzamento entre a cultivar comercial IAC 503 e o anfidiploide sintético (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e seus respectivos códigos, além das 6 testemunhas utilizadas nos experimentos. Pindorama, SP, 2014/2015.

Prog.	Código*	Prog.	Código*	Prog.	Código*	Prog.	Código*
1	7 - 1	26	29 - 5	51	47 - 4	76	71 - 8
2	7 - 5	27	32 - 5	52	47 - 6	77	72 - 3
3	9 - 4	28	33 - 4	53	48 - 3	78	72 - 7
4	9 - 7	29	33 - 8	54	48 - 4	79	72 - 10
5	13 - 2	30	33 - 9	55	48 - 5	80	73 - 2
6	14 - 6	31	37 - 3	56	48 - 6	81	73 - 3
7	14 - 10	32	38 - 1	57	48 - 8	82	75 - 2
8	15 - 5	33	40 - 2	58	48 - 9	83	77 - 1
9	15 - 6	34	40 - 3	59	48 - 10	84	77 - 9
10	16 - 3	35	40 - 4	60	57 - 5	85	78 - 2
11	18 - 1	36	40 - 5	61	58 - 5	86	78 - 5
12	18 - 4	37	40 - 7	62	59 - 5	87	78 - 6
13	18 - 7	38	42 - 1	63	59 - 8	88	79 - 1
14	22 - 1	39	42 - 2	64	60 - 1	89	79 - 4
15	22 - 7	40	42 - 3	65	60 - 6	90	79 - 5
16	22 - 8	41	42 - 5	66	62 - 3	91	79 - 6
17	22 - 9	42	42 - 6	67	62 - 5	92	79 - 7
18	22 - 10	43	42 - 7	68	63 - 3	93	IAC 886
19	25 - 3	44	42 - 8	69	63 - 5	94	IAC 503
20	25 - 4	45	42 - 9	70	64 - 5	95	L. 335
21	25 - 5	46	43 - 4	71	69 - 5	96	An. 8
22	25 - 6	47	43 - 5	72	69 - 10	97	V 13751
23	25 - 10	48	43 - 6	73	71 - 3	98	GKP 10017
24	28 - 5	49	43 - 9	74	71 - 4		
25	29 - 1	50	47 - 2	75	71 - 5		

* = Ar 75A (P): código de identificação do cruzamento. Prog. = progênie. Runner IAC 886 e IAC 503 = cultivares comerciais. L.335 = linhagem do programa de melhoramento do IAC. An.8 = anfidiploide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, V 13751 = espécie silvestre *A. magna*. GKP 10017 = espécie silvestre *A. cardenasii*.

Além das progênes segregantes, foi utilizado um conjunto de testemunhas, a saber: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiplóide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} e as espécies genitoras do anfidiplóide (*A. magna* - V 13751 e *A. cardenasii* - GKP 10017); semeadas de maneira intercalar, seguindo o delineamento experimental de blocos aumentados de Federer (1956). As testemunhas foram escolhidas de forma a representar ampla variabilidade com relação à resistência ao trips, tendo em vista o conhecimento prévio do comportamento de tais genótipos (Tabela 2).

Tabela 2. Espécies, anfidiplóide e cultivares de amendoim utilizados como testemunhas utilizadas nos experimentos e suas respectivas origens e ciclos vegetativos. Pindorama, SP.

Genótipo	Espécie	Local da coleta ¹	Ciclo
cv. Runner IAC 886	<i>Arachis hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
cv. IAC 503	<i>A. hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
Linhagem 335	<i>A. hypogaea</i>	Campinas/IAC/BRA	Anual
V 13751 x GKP 10017*	(<i>A. magna</i> x <i>A. cardenasii</i>) ^{4x}	DF/Embrapa/BRA	Anual
GKP 10017*	<i>A. cardenasii</i> Krapov. & W. C. Gregory	Roboré/BOL	Perene
VSPmSv 13751*	<i>A. magna</i> Krapov., W.C. Gregory & C.E. Simpson	Vila Bela da Ssa Trindade/BRA	Perene

* = materiais armazenados no Cenargen/Embrapa. ¹ = BRA: Brasil, BOL: Bolívia.

Inicialmente, as sementes foram tratadas com os produtos comerciais Ethrel®⁴ (princípio ativo: Etefom) na dosagem de 2,0 mL/kg de sementes, a fim de se quebrar a dormência, e o fungicida Vitavax®-Thiram 200 SC⁵ (Carboxina + Tiram) na dosagem de 2,5 mL/kg de sementes, para proteção contra fungos de solo. Em seguida, as mesmas foram dispostas em copos plásticos (200 mL) para germinação, contendo substrato poroso Bioflora®⁶, sendo então acondicionadas em casa de vegetação até as plantas originadas atingirem aproximadamente 15 cm de altura, quando foram transplantadas para o campo.

As populações segregantes, bem como os genótipos genitores e as testemunhas, foram transplantadas para o campo em linhas de 10 m onde as plantas

⁴Ethrel® é marca registrada utilizada sob licença da Bayer CropScience.

⁵Vitavax®-Thiram 200 SC é marca registrada utilizada sob licença da Chemtura Indústria Química do Brasil Ltda.

⁶Bioflora® é marca registrada utilizada sob licença da Bioflora Substratos Agrícolas.

foram espaçadas entre si, de 1 m na linha e de 1,80 m nas entrelinhas, para permitir a máxima individualização de cada planta e não interferência de uma planta sobre a outra. A área experimental foi previamente adubada com NPK (fórmula 8:28:16) na dosagem de 250 kg.ha⁻¹, conforme análise química do solo.

Foram realizadas pulverizações com fungicidas a cada 15 dias a fim de se evitar o desenvolvimento de doenças. Não foi realizado controle químico do tripses. O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida pré-plantio-incorporado, Trifluralina, na dose de 2,5 L.ha⁻¹ do produto, além de capinas manuais durante o desenvolvimento das plantas.

2.3 Caracteres avaliados

As avaliações de infestação de tripses foram realizadas em plantas individuais quando estas apresentaram pelo menos 5 brotos terminais, o que ocorreu aos 54, 63, 79 e 107 dias após a semeadura (DAS), a saber:

(a) ocorrência do tripses: contagem do número de insetos (ninfas e adultos) em 5 folíolos jovens, presentes em folhas apicais, ainda fechados, dando preferência àqueles mais desenvolvidos, amostrados ao acaso por planta (Figura 2);



Figura 2. Visualização de folíolo de *A. hypogaea* L. jovem e ainda fechado (A), técnicas de abertura dos folíolos (B e C).

(b) sintomas visuais de ataque do tripses: aplicação de escala de notas de sintomas visuais variando de nota 1 - folha sem sintoma, à nota 5 - folhas totalmente atacadas, em 5 folhas recém-abertas, também amostradas ao acaso por planta (MORAES, 2005). A aplicação da escala de notas de ataque ocorreu após 6 dias da avaliação de infestação do inseto, uma vez que, segundo conhecimentos prévios, este

refere-se ao tempo médio de abertura dos folíolos e fácil visualização dos sintomas (Figura 3).



Figura 3. Escala de notas de sintomas de ataque de *Enneothrips flavens* em plantas de amendoim: 1- folíolo com ausência de sintomas; 2- folíolo com poucas pontuações prateadas, sem deformações; 3- folíolo com poucas pontuações prateadas, com início de enrolamento das bordas dos folíolos; 4- folíolo com pontuações prateadas generalizadas, com enrolamento das bordas; 5- folíolo com pontuações prateadas generalizadas, com encarquilhamento total desse folíolo (MORAES, 2005).

A caracterização agronômica foi realizada após o arranquio manual de cada planta e, as vagens submetidas à secagem em estufa a 30°C por 72 horas, com padronização da umidade a 13%, onde os seguintes caracteres foram avaliados:

- (a) produção de vagens por planta (gramas);
- (b) produção de grãos por planta (gramas);
- (c) número de vagens por planta (contagem);
- (d) número de grãos por planta (contagem) e;
- (e) porcentagem de vagens com dois lóculos por planta (%).

2.4 Análises multivariadas

Devido à estrutura de dependência contida no conjunto original de variáveis, três abordagens exploratórias foram realizadas, a saber: componentes principais, análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward e pelo método não hierárquico de *K-means*. Todas as análises foram realizadas pelo software Statistica versão 10 (STATSOFT, 2010).

Para a realização das análises multivariadas, foram utilizadas as médias

genotípicas, obtidas pelo BLUP (HENDERSON, 1973), das progênes segregantes de amendoim de geração F₄. A semelhança entre os genótipos foi medida pela distância Euclidiana e a ligação média entre os grupos foi realizada pelo método de aglomeração de Ward (HAIR et al., 2005). No processamento da análise de componentes principais, os autovalores foram extraídos a partir da matriz de covariância que geraram os autovetores denominados de componentes principais, que são determinados a partir da equação característica da matriz (FERRAUDO, 2010).

Os dados foram padronizados de forma que os atributos contribuam com o mesmo peso no cálculo do coeficiente de semelhança entre os objetos, resultando em média nula e variância unitária para todas as variáveis (FERRAUDO, 2010) de acordo com a seguinte equação:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - \bar{X}_j}{S_j}$$

onde:

Z_{ij} = valor padronizado;

$j=1, 2, \dots, p$ variáveis;

$i=1, 2, \dots, n$ objetos;

$\bar{X}_j$ e S_j = média e o desvio padrão da coluna j .

De acordo com Ferraudo (2010), existem duas razões para a padronização da matriz de dados. Primeiro, as unidades associadas aos atributos podem arbitrariamente influenciar o grau de semelhança entre os objetos. Com a padronização, o efeito dessa arbitrariedade é eliminado. Segundo, a padronização faz com que os atributos contribuam com o mesmo peso no cálculo do coeficiente de semelhança entre objetos. Se uma variável possui um intervalo de valores superior a um outro de uma outra variável, certamente a primeira variável contará com um peso maior na determinação do grau de semelhança entre objetos. Este efeito pode ser compensado pela padronização.

2.4.1 Análise de componentes principais

A variabilidade original foi decomposta em dois autovetores (componentes principais) construídos com os autovalores da matriz de covariância. Os autovetores são combinações lineares das variáveis originais buscando maximizar a informação relevante (HAIR et al., 2009).

Para selecionar as progênes na análise de componentes principais, foi utilizada uma metodologia onde predeterminou-se escalas no plano do gráfico para que fosse possível identificar, mais facilmente, as progênes que possuíam características que as diferenciavam das demais. Assim, a primeira escala, menos rigorosa, compreende em seu eixo X valores de 2 a -2 e no eixo Y valores de 1 a -1. Na segunda escala, sendo esta mais rigorosa, determinou-se valores no eixo X compreendendo de 4 a -4 e no eixo Y com valores de 3 a -3.

2.4.1.1 Cálculo da variância contida em cada componente principal

A proporção da variância total contida em cada componente foi obtida através da seguinte expressão:

$$CP_h = \frac{\lambda_h}{\text{Traço (C)}} \times 100$$

onde:

CP_h = matriz de covariâncias dos dados originais padronizados;

λ_h = h-ésima raiz característica (autovalor) da matriz C;

Traço (C) = $\lambda_1 + \lambda_2 \dots + \lambda_h$.

Foram considerados somente os autovalores superiores à unidade (1,0), pois estes geram componentes com quantidade relevante de informação das variáveis originais. Abaixo de um (1,0), a quantidade de informação retida no componente não é relevante (KAISER, 1958).

2.4.1.2 Correlação dos caracteres com os componentes principais

A correlação dos caracteres com os componentes principais foi obtida através da fórmula:

$$r_{xj}(cp_h) = \frac{a_{jh}\sqrt{\lambda_h}}{S_j}$$

onde:

S_j = desvio padrão da variável j ;

a_{jh} = coeficiente da variável j no h -ésimo componente principal;

λ_h = h -ésima raiz característica (autovalor) da matriz de covariância.

2.4.2 Análise de agrupamento pelo método hierárquico

2.4.2.1 Distância Euclidiana

O cálculo da distância Euclidiana foi realizado a partir da distância geométrica dos objetos x e y em um espaço multidimensional, dada pela equação:

$$d_{(x,y)} = \sqrt{\sum_i (x_i - y_i)^2}$$

Distância Euclidiana quadrática é uma forma de empregar o padrão de distância Euclidiana, fornecendo maior peso aos objetos mais distantes, sendo calculada pela seguinte equação:

$$d_{(x,y)} = \sum_i (x_i - y_i)^2$$

2.4.2.2 Análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward

O método de aglomeração de Ward, procedimento também chamado de “mínima variância”, fundamenta-se nos seguintes princípios: inicialmente cada elemento é considerado como um único conglomerado. Em cada passo do algoritmo de agrupamento calcula-se a soma de quadrados dentro de cada aglomerado. Esta soma é o quadrado da distância Euclidiana de cada elemento amostral pertencente ao conglomerado em relação ao correspondente vetor de médias do aglomerado, isto

é:

$$SS_i = \sum_{k=1}^{n_i} (X_{ik} - \bar{X}_i)' (X_{ik} - \bar{X}_i)$$

onde:

SS_i = soma de quadrados correspondente ao aglomerado A_i ;

n_i = número de elementos no aglomerado A_i quando se está no passo s do processo de agrupamentos;

X_{ik} = vetor de observações do k - ésimo elemento amostral que pertence ao i - ésimo conglomerado;

$\bar{X}_i$ = centroide do conglomerado A_i .

No passo s , a soma de quadrados total dentro dos grupos, SSR , é definida como:

$$SSR = \sum_{i=1}^{g_s} SS_i$$

onde:

g_s = número de grupos existentes quando se está no passo s .

Assim, a distância entre os aglomerados A_i e B_l é, então, definida como:

$$d(A_i, B_l) = \left[\frac{n_i n_l}{n_i + n_l} \right] (\bar{X}_i - \bar{X}_l)' (\bar{X}_i - \bar{X}_l)$$

que é a soma de quadrados entre os clusters A_i e B_l . Em cada passo do algoritmo de agrupamento, os dois conglomerados que minimizam a distância, são combinados. É possível demonstrar que a medida de distância, é a diferença entre o valor de SSR depois e antes de se combinar os conglomerados A_i e B_l num único conglomerado. Portanto, em cada passo do agrupamento, o método de aglomeração de Ward combina os dois conglomerados que resultam no menor valor SSR . Este processo gera um dendrograma com diferentes grupos.

2.4.3 Análise de agrupamento pelo método não hierárquico de *K-means*

A análise de agrupamento pelo método *K-means* consiste de um procedimento onde, fornecido um número de clusters previamente determinado, calcula-se pontos que representam os “centros” destes clusters.

O critério de agrupamento pelo método de *K-means* pode ser descrito como sendo:

$$E = \sum_{k=1}^k \sum_{x_i \in C_k} d(x_i, x_{0k})$$

onde:

x_{0k} = centroide do cluster;

C_k e $d(x_i, x_{0k})$ = distância entre os pontos x_i e x_{0k} .

O centroide pode ser a média ou a mediana de um grupo de pontos. Em outras palavras, o objetivo do *K-means* é minimizar a distância entre cada ponto e o seu respectivo centroide (HAIR et al., 2005).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de componentes principais das progênie de amendoim de geração F₄, do total de sete autovalores gerados, os dois primeiros foram superiores a um e explicaram 78,39% da variância contida nos sete caracteres originais (Tabela 3).

Tabela 3. Matriz de autovalores dos sete caracteres avaliados na geração F₄. Pindorama, SP, 2014/15.

Fatores	Autovalor	Variância total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	3,90	55,68	3,90	55,68
2	1,59	22,72	5,49	78,39
3	0,79	11,32	6,28	89,71
4	0,52	7,40	6,80	97,11
5	0,14	1,98	6,94	99,09
6	0,05	0,69	6,99	99,78
7	0,02	0,22	7,01	100,00

O primeiro componente principal (CP1) reteve 55,68% da variância original (Tabela 3). As variáveis que explicaram a retenção da variância foram: produção de vagens (0,98), produção de grãos (0,97) número de vagens (0,88) e número de grãos (0,95), conforme observado na Tabela 4. Segundo Ferraudo (2010) as variáveis consideradas de maior relevância são aquelas que apresentam valores de correlações acima de 0,6, independentemente do sinal. O segundo componente principal (CP2) reteve 22,72% da variância original (Tabela 3), explicada pelas variáveis número de tripes e notas de sintomas visuais com correlação de 0,73 e 0,76, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4. Correlação entre os caracteres e os componentes principais obtidos nas progênies de amendoim de geração F₄. Pindorama, SP, 2014/15.

Variáveis	CP1	CP2
Número de tripes/5 folíolos	0,22	0,73
Notas de sintomas visuais/folíolo	0,32	0,76
Produção de vagens (g/planta)	0,98	-0,07
Produção de grãos (g/planta)	0,97	-0,02
Número de vagens/planta	0,88	-0,38
Número de grãos/planta	0,95	-0,21
% de vagens com dois lóculos	0,39	0,54

As correlações de sinais iguais significam que os caracteres são relacionados positivamente, e as com sinais opostos, negativamente (HAIR et al., 2005), assim o resultado da análise de componentes principais demonstra que os caracteres produção de vagens, número de vagens e número de grãos, estão positiva e fortemente relacionadas com a variável produção de grãos, fato já esperado, uma vez que tais caracteres representam os componentes de produção (Tabela 4). Assim, quanto mais alto o valor destes, mais alto é o valor de produção de grãos da progênie, em função da forte relação existente entre os mesmos.

As variáveis número de tripes e notas de sintomas visuais, também estão positiva e fortemente relacionadas. Podemos observar ainda, a relação destas com a variável porcentagem de vagens com dois lóculos, posicionadas no mesmo quadrante (Figura 4).

A porcentagem de vagens com dois lóculos, é grande indicadora do grau de adequação agrônômica das progênies aos genótipos *A. hypogaea* L., e sua relação com as características associadas à resistência ao tripes-do-prateamento não é

desejável, uma vez que se pretende diminuir a ocorrência e os danos causados pelo inseto e, devido a esta relação positiva, também ocorrerá a diminuição do grau de adequação agronômica das progênies. Além disso, podemos observar que as variáveis associadas à resistência e as variáveis de componentes de produção, apresentaram relação negativa, ou seja, a resistência ao inseto-praga é frequentemente associada a características indesejáveis, como a baixa produção de frutos (SINGH; STALKER; MOSS, 1991).

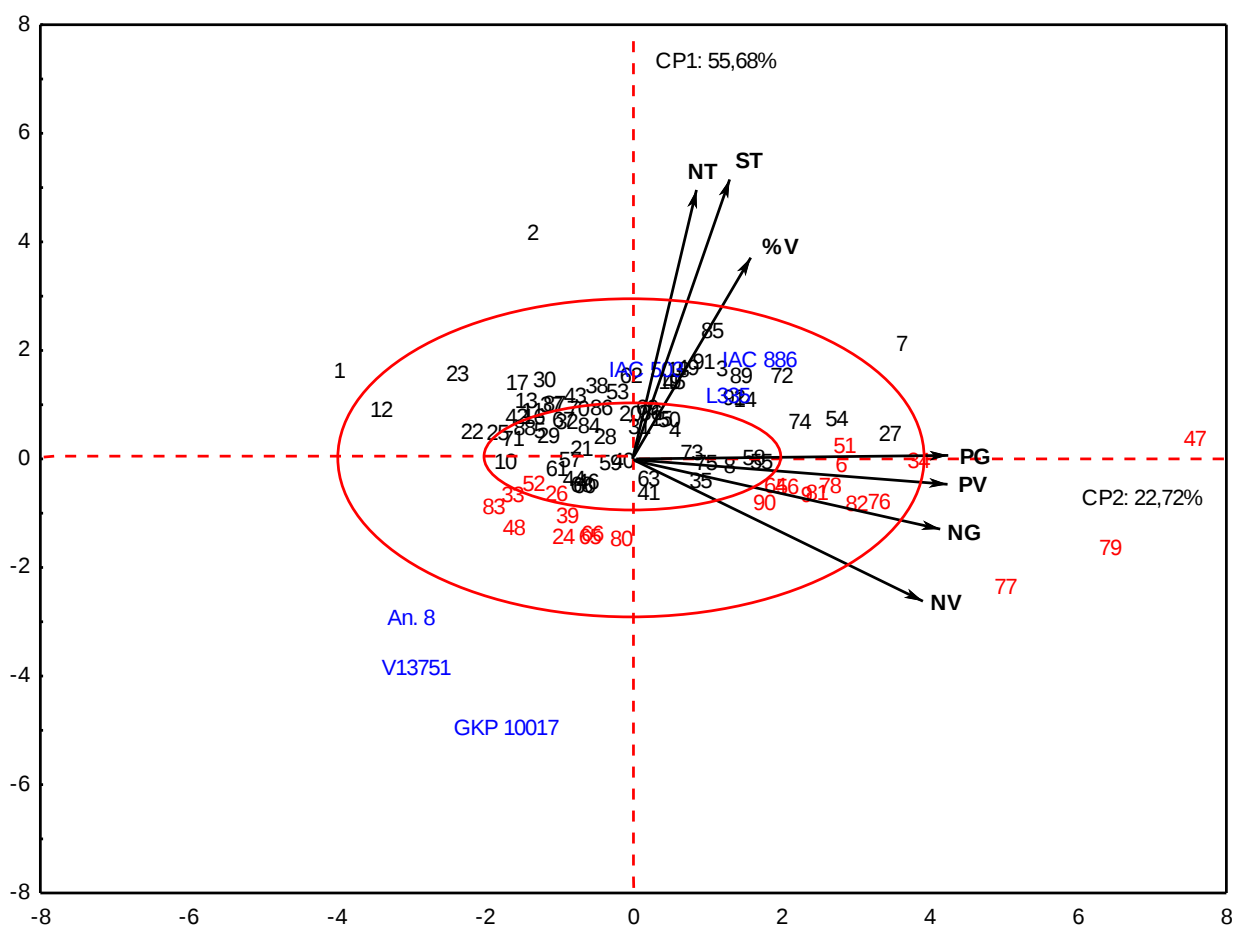


Figura 4. Gráfico biplot com dispersão das 92 progênies interespecíficas de amendoim em geração F₄ e em azul as testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiplóide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, parentais silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*), em função dos componentes principais CP1 e CP2 contendo a projeção dos vetores das variáveis: NT: número de tripes/5 folíolos, ST: notas de sintomas visuais/folíolo, %V: porcentagem de vagens com dois lóculos, PG: produção de grãos/planta, PV: produção de vagens/planta, NG: número de grãos/planta e NV: número de vagens/planta. As progênies discriminadas encontram-se em vermelho. Pindorama, SP, 2014/15.

Assim, enquanto é possível selecionar em campo progênies resistentes, avançando gerações pelo método genealógico, a probabilidade de serem selecionadas progênies com caracteres agrônômicos desejáveis, ainda é muito pequena, o que sugere futuramente, o uso de retrocruzamentos para recuperar estas características (SANTOS et al., 2011, 2013).

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (55,68%) e CP2 (22,72%) reteve no total 78,39% da variância original (Figura 4). Observa-se a distribuição de cada progênie de acordo com um plano de fator de coordenadas, considerando agora, a relação com suas variáveis. Pode-se notar que um grande grupo de progênies se localizaram no centro do plano, dentro da delimitação das escalas pré-definidas. Isto demonstra que nesse grupo não há diferenças significativas entre as progênies, ou seja, os valores dos caracteres estão situados em uma faixa de amplitude que não as caracterizam como superiores umas das outras, podendo-se dizer que há certa homogeneidade dentro deste grupo.

As progênies 6, 9, 34, 47, 51, 56, 64, 76, 77, 78, 79, 81, 82 e 90, foram discriminadas pelas variáveis produção de grãos (PG), produção de vagens (PV), número de grãos (NG) e número de vagens (NV). Por sua vez, as progênies 24, 26, 33, 39, 48, 52, 65, 66, 80 e 83, foram discriminadas pelas variáveis número de tripes (NT) e notas de sintomas visuais (ST) (Figura 4).

Podemos observar que algumas destas progênies, localizaram-se entre as delimitações das escalas, podendo ser selecionadas como superiores, porém utilizando um critério menos rigoroso. As progênies localizadas nas extremidades do plano de coordenadas, foram selecionadas por possuírem caracteres específicos, com altos valores dos caracteres, os quais as tornam superiores das demais, lembrando que esta análise deve ser interpretada em conjunto com o resultado das projeções das variáveis. Assim, quanto mais uma progênie se distanciar do centro do sistema de coordenadas, maior padrão específico ela apresenta para uma ou outra característica (DALLASTRA, 2014; SILVA, 2015).

Ressalta-se ainda que, pode ocorrer especificidade para progênies localizadas nas extremidades com propriedades específicas consideradas favoráveis ou desfavoráveis. Em outras palavras, se uma progênie apresentar especificidade para a característica número de tripes, significará que esta apresenta plantas com

ocorrência elevada do inseto, sendo indesejável para o melhoramento genético da cultura. Assim, o processo seletivo deve visar progênies localizadas na direção oposta ao vetor que representa esta variável, onde também se localizaram os genótipos silvestres [*A. magna*, *A. cardenasii* e (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}] (Figura 4).

Algumas progênies selecionadas pelos componentes de produção, ou seja, aquelas que apresentaram especificidade para as variáveis produção de vagens, produção de grãos, número de vagens e número de grãos, também se destacaram com valores de infestação do tripes-do-prateamento inferiores à média observada nos genótipos *A. hypogaea* L. que foi de 4,43 tripes/5folíolos. Portanto, as progênies 56, 76, 77, 82 e 90, além de apresentarem atributos agronômicos desejáveis também se destacaram por apresentar nível de resistência ao inseto superior aos encontrados nos genótipos *A. hypogaea* L., porém, com grau de adequação a tais genótipos ainda reduzido (Tabela 5). Tais progênies são de grande importância, pois indicam a possibilidade de sua utilização em futuros cruzamentos na continuidade do programa de melhoramento.

A análise multivariada por componentes principais pode ser útil para agrupar indivíduos com características semelhantes, assim como estudar suas correlações e, vem sendo utilizada na seleção de genótipos resistentes a outros insetos-praga na cultura do amendoim (PITTA, et al., 2010).

Tabela 5. Médias das 24 progênes interespecíficas de amendoim, selecionadas em geração F₄ pela análise de componentes principais para os caracteres: NT: número de tripes/5 folíolos, ST: notas de sintomas visuais/folíolo, PV: produção de vagens/planta, PG: produção de grãos/planta, NV: número de vagens/planta, NG: número de grãos/planta e %V: porcentagem de vagens com dois lóculos. Pindorama, SP, 2014/15.

Progênes	NT	ST	PV (g)	PG (g)	NV	NG	%V
6	5,43	2,26	36,41	26,57	71,53	120,42	55,47
9	5,57	2,37	44,04	16,62	92,92	101,64	28,28
24	4,58	1,59	15,09	7,83	46,55	34,84	43,09
26	1,85	2,38	13,34	7,30	33,30	31,09	38,28
33	2,72	2,22	9,37	5,20	22,97	22,09	33,50
34	4,67	2,75	52,59	30,22	105,41	111,31	39,77
39	2,14	2,17	14,68	8,88	36,30	37,09	38,77
47	5,16	2,65	88,21	60,67	113,61	154,75	74,83
48	3,03	2,14	12,27	7,09	25,19	26,25	14,59
51	5,95	2,40	50,12	26,54	77,53	87,08	47,99
52	4,16	2,33	13,12	7,64	25,11	27,75	15,01
56	3,93	2,16	37,04	24,65	70,96	83,15	60,44
64	5,36	2,10	35,26	17,84	88,86	83,25	53,85
65	2,64	2,00	15,47	9,45	49,72	47,25	38,64
66	2,68	2,01	15,14	8,80	53,06	47,45	40,02
76	4,06	2,56	47,83	31,77	112,31	88,57	32,34
77	3,73	1,96	63,54	38,01	143,89	135,37	49,13
78	5,69	2,37	45,92	19,79	109,81	86,91	36,13
79	5,15	2,30	64,27	40,01	167,03	186,68	46,89
80	3,09	2,01	17,83	11,50	59,85	55,38	35,25
81	5,40	2,52	28,50	17,95	116,14	116,91	27,79
82	3,61	2,58	40,30	22,97	113,14	110,74	38,52
83	3,36	2,24	5,77	4,29	26,64	22,74	15,76
90	3,77	2,38	41,08	22,79	71,97	73,57	31,94
IAC 886 ¹	5,21	2,73	32,33	23,07	76,90	63,32	75,36
IAC 503 ¹	4,36	2,71	30,24	17,77	44,83	61,91	72,32
L. 335 ¹	3,73	2,58	20,88	13,60	41,25	52,88	66,19
An.8 ¹	2,24	1,60	8,14	3,17	29,81	35,19	1,42
V 13751 ¹	1,44	1,37	2,91	1,70	24,13	19,75	0,49
GKP 10017 ¹	0,96	1,21	1,89	0,66	22,06	13,83	0,16

¹ = testemunhas: cultivares Runner IAC 886 e IAC 503, linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, genitores silvestres V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*).

Em relação à análise de agrupamentos, representada pelo dendrograma utilizando o método de aglomeração de Ward, é possível verificar a formação de nove grupos (Figura 5). O corte no dendrograma foi efetuado a 10%, ponto este em que foram observadas mudanças bruscas de nível, segundo recomendação de Cruz (1990).

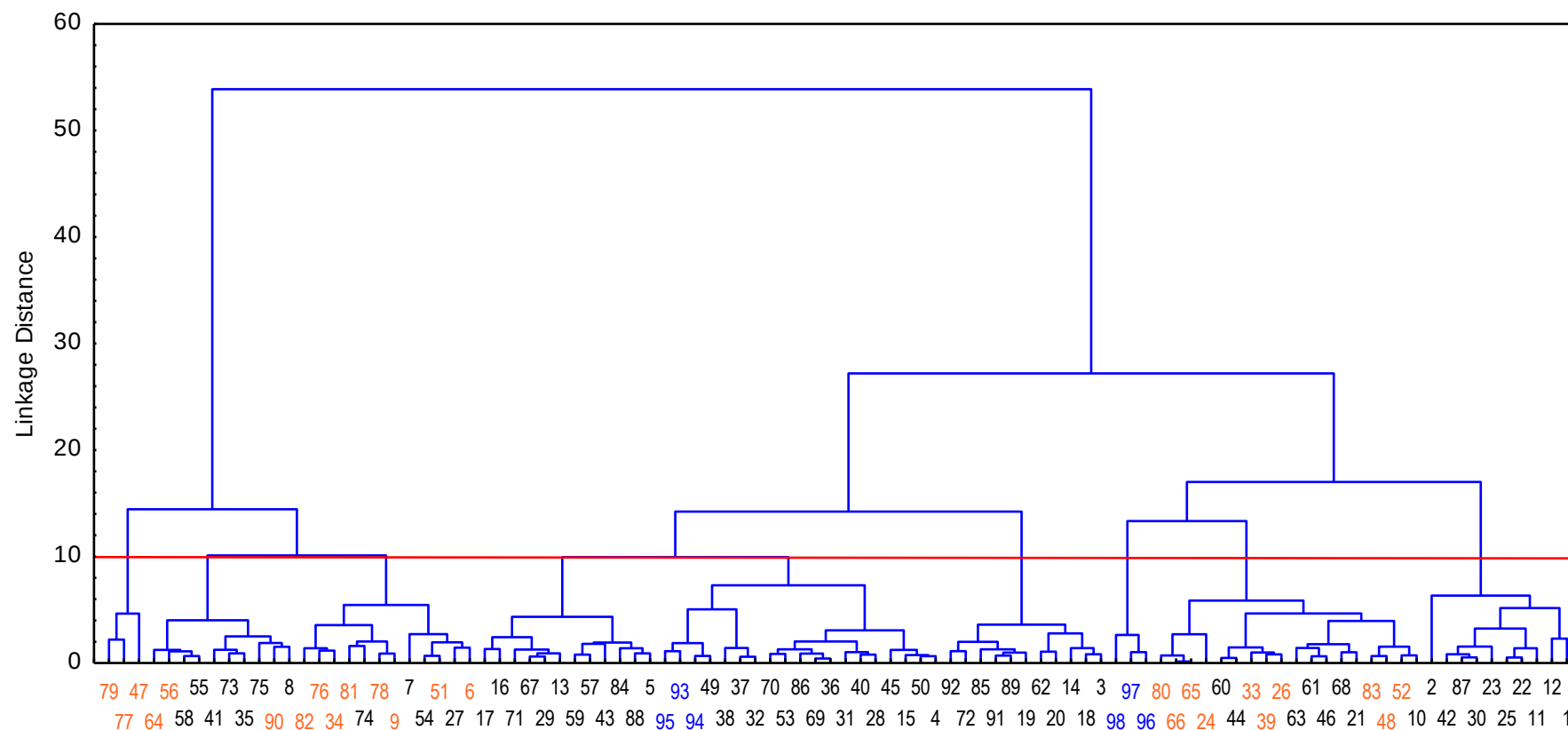


Figura 5. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de aglomeração de Ward, para os caracteres: NT: número de tripes/5 folíolos, ST: notas de sintomas visuais/folíolo, PV: produção de vagens/planta, PG: produção de grãos/planta, NV: número de vagens/planta, NG: número de grãos/planta e %V: porcentagem de vagens com dois lóculos. Pindorama, SP, 2014/15. Em azul as testemunhas: 93: cv. Runner IAC 886, 94: cv. IAC 503, 95: linhagem 335 do programa de melhoramento do IAC, 96: anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, 97: parental silvestre V 13751 (*A. magna*) e 98: parental silvestre GKP 10017 (*A. cardenasii*). As progênies discriminadas pela análise de componentes principais encontram-se em vermelho.

Na Figura 5 nota-se que as progênies selecionadas pelos componentes de produção na análise de componentes principais, ficaram presentes nos grupos 1, 2 e 3, do dendrograma. Por sua vez, as progênies discriminadas pelas variáveis relacionadas à resistência ao *E. flavens*, estão presentes no grupo 8. Estas mesmas progênies também representaram os melhores grupos pela análise de agrupamentos realizada pelo método *K-means*, grupos 5 e 9, indicando a semelhança entre os resultados das análises multivariadas (Figura 6).

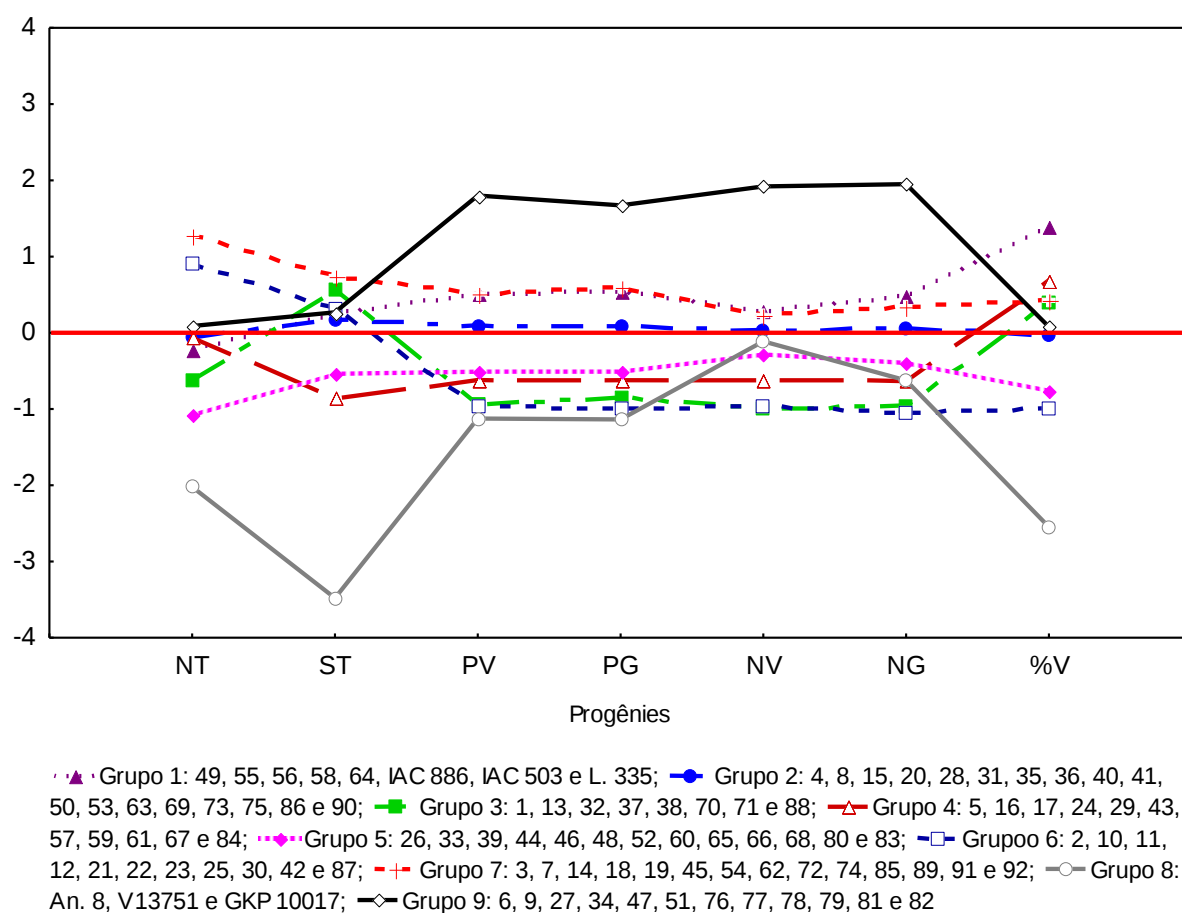


Figura 6. Gráfico do perfil da distribuição do centroide dos grupos da análise de agrupamento por *K-means* formados a partir dos caracteres: NT: número de tripos/5 folíolos, ST: notas de sintomas visuais/folíolo, PV: produção de vagens/planta, PG: produção de grãos/planta, NV: número de vagens/planta, NG: número de grãos/planta e %V: porcentagem de vagens com dois lóculos. Pindorama, SP, 2014/15.

A análise de agrupamento é bastante utilizada no melhoramento genético de plantas, pois permite a classificação de indivíduos em grupos, a fim de maximizar a

homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os grupos. Sendo assim, esta análise torna-se importante na busca por genótipos superiores, na manutenção da variabilidade genética a partir de cruzamentos de grupos geneticamente divergentes, representando uma importante estratégia para maiores ganhos com a seleção (SILVA, 2015).

A análise de agrupamentos realizada pelo método *K-means*, permitiu a visualização de nove grupos, os quais foram determinados a partir do ponto de corte realizado a 17% no dendrograma obtido pela análise de agrupamento de Ward (Figura 6).

Podemos observar que o grupo 1, foi formado pelas progênes 49, 55, 56, 58 e 64, além das testemunhas *A. hypogaea* L., Runner IAC 886, IAC 503 e L.335, indicando que estas progênes apresentam maior proximidade agrônômica a estes genótipos. Além disso, é importante ressaltar que as progênes 56 e 64 foram selecionadas pela análise de componentes principais, destacando-se pelo bom desempenho relacionado aos componentes de produção (Figura 6).

O grupo 2 apresentou valores próximos à média da população para todas os caracteres avaliados, sendo composto pelas progênes 4, 8, 15, 20, 28, 31, 35, 36, 40, 41, 50, 53, 63, 69, 73, 75, 86 e 90. O grupo 3, representado pelas progênes 1, 13, 32, 37, 38, 70, 71 e 88, foi caracterizado por apresentar número de tripes relativamente baixo, danos mais acentuados e alta porcentagem de vagens com dois lóculos. O grupo 4 destacou-se por apresentar baixas notas de sintomas visuais e elevada porcentagem de vagens com dois lóculos, sendo representado pelas progênes 5, 16, 17, 24, 29, 43, 57, 59, 61, 67 e 84 (Figura 6).

As progênes 26, 33, 39, 44, 46, 48, 52, 60, 65, 66, 68, 80 e 83 representando o grupo 5, destacaram-se como o melhor grupo quanto aos caracteres relacionados à resistência ao tripes-do-prateamento, ou seja, apresentaram baixa ocorrência do inseto e baixas notas de sintomas visuais. Além disso, obtiveram número de vagens próximo a média da população, podendo estes genótipos serem utilizados para continuidade do programa de melhoramento da espécie (Figura 6). Estes resultados concordam com aqueles apresentados na análise de componentes principais, nos quais, grande parte das progênes, também foram selecionadas como as mais resistentes ao *E. flavens*.

O grupo 6, formado pelas progênies 2, 10, 11, 12, 21, 22, 23, 25, 30, 42 e 87, pode ser considerado o grupo de pior desempenho, pois apresentou elevada ocorrência do inseto, elevadas notas de sintomas visuais, reduzida produção de vagens e grãos, reduzido número de vagens e grãos, além da menor porcentagem de vagens com duas sementes. Por sua vez, as progênies 3, 7, 14, 18, 19, 45, 54, 62, 72, 74, 85, 89, 91 e 92, representando o grupo 7, foram caracterizadas por apresentarem alto número de insetos e elevadas notas de sintomas visuais (Figura 6).

O anfidiploide An.8 (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, e as espécies parentais V 13751 (*A. magna*) e GKP 10017 (*A. cardenasii*) formaram o grupo 8, onde podemos observar os menores valores de número e sintomas do inseto. Apesar de apresentarem número de vagens próximo a média da população, a porcentagem de vagens com dois lóculos foi a de menor valor (Figura 6), fato já esperado pois muitas espécies silvestres possuem grande número de vagens com apenas uma semente, sendo esta muito pequena, constituindo em importante limitação agrônômica (SANTOS et al., 2013). O anfidiploide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x}, utilizado no cruzamento deste trabalho, possui essas características, além de número relativamente pequeno de vagens.

O grupo 9 foi composto pelas progênies 6, 9, 27, 34, 47, 51, 76, 77, 78, 79, 81 e 82, destacando-se por apresentarem os maiores valores de produção de vagens e grãos, maior número de vagens e grãos por planta. É interessante destacar, ainda, que tais genótipos obtiveram valores de número de insetos e notas de sintomas visuais bem próximos à média da população, constituindo interessante fonte de germoplasma à sequência do programa de melhoramento, concordando com a seleção realizada pela análise de componentes principais (Figura 6).

As análises de agrupamento e de componentes principais são procedimentos multivariados que podem auxiliar e maximizar os resultados obtidos com a seleção, as quais vêm sendo utilizadas com sucesso na seleção de genótipos promissores em várias culturas (BERTINI et al., 2010; DALLASTRA et al., 2014; PITTA et al., 2010; SILVA, 2015).

Assim, de acordo com os resultados, as análises multivariadas por componentes principais, agrupamento hierárquico e não-hierárquico de *K-means*, podem ser utilizadas como importantes ferramentas na identificação e seleção de

progênes superiores em um programa de melhoramento.

A concordância e eficiência das análises multivariadas na seleção de progênes superiores por meio das técnicas de componentes principais, métodos de agrupamento hierárquico (dendrograma) e não-hierárquico (*K-means*) tem sido demonstrado na cultura do amendoim (PITTA et al., 2010) e na cultura da soja (SILVA, 2015; VIANNA et al., 2013). Sua utilização também é de grande importância na identificação de fontes de resistência às doenças fúngicas da parte aérea, em acessos e híbridos interespecíficos do gênero *Arachis* L. (MICHELOTTO et al., 2015).

4 CONCLUSÕES

As análises multivariadas foram eficientes e concordantes na seleção de progênes segregantes iniciais de amendoim, com ênfase nos caracteres de importância agrônômica, relacionadas à resistência ao tripes-do-prateamento e aos componentes de produção.

Na técnica de componentes principais, os caracteres relacionados aos componentes de produção permitiram selecionar 15% dos genótipos avaliados e, os caracteres relacionadas a resistência ao tripes, selecionaram 10% dos genótipos.

As características que permitiram selecionar as progênes foram produção de vagens e de grãos, número de vagens e grãos, número de tripes e notas de sintomas visuais.

5 REFERÊNCIAS

BERTINI, C. H. C. M.; de ALMEIDA, W. S.; da SILVA, A. P. M.; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v32i4.4631>> Acesso em: 13 de jan. 2016.

BOIÇA JÚNIOR, A. L.; CHAGAS FILHO, N. R.; GODOY, I. J.; LOURENÇÃO, A. L.; SOUZA, J. R. Avaliação de resistência de cultivares de amendoim de hábito rasteiro a *Enneothrips flavens* Moulton (Thysanoptera: Thripidae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 79, n. 1, p. 33-38, 2012. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S1808-16572012000100005>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

CENTRO INTEGRADO DE INFORMAÇÕES AGROMETEREOLÓGICAS. **Ciiagro online:** resenha agrometereológica. Disponível em: <<http://www.ciiagro.sp.gov.br/ciiagroonline/>> Acesso em: 27 de out. 2015.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). ESALQ, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. vev. ampl. Viçosa: UFV, 2014, v. 2, 668 p.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000300021>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Embrapa, 2013. 353p.

FÁVERO, A. P.; GODOY, I. J.; SUASSUNA, T. M. F. Uso de espécies silvestres no pré-melhoramento do amendoim. In: LOPES, M. A. et al. (Ed.) **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**, Brasília: EMBRAPA, 2011. Cap. 3, p. 266-291.

FÁVERO A. P.; MORAES, S. A.; GARCIA, A. A. F.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Characterization of rust, early and late spot resistance in wild and cultivated peanut germplasm. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 66, p. 110-117, 2009. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162009000100015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FÁVERO A. P.; SIMPSON C. E.; VALLS J. F. M.; VELLO N. A. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1546-1552, 2006. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.2135/cropsci2005.09-0331>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v. 55, p.191-208, 1956. Disponível em: <<https://ecommons.cornell.edu/bitstream/handle/1813/32841/BU-74-M.pdf?sequence=1&isAllowed=y>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

FERRAUDO, A. S. **Técnicas de análise multivariada**: uma introdução. São Caetano: StatSoft South América, 2010.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R. P. L.; BATISTA, G. C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J. R. P.; ZUCCHI, R. A.; ALVES, S. B.; VENDRAMIN, J. D.; MARCHINI, L. C.; LOPES, J. R. S.; OMOTO, C. **Entomologia Agrícola**. Piracicaba SP. FEALQ, 2002, 920 p.

GODOY, I. J.; MORAES, S. A.; SANTOS, R. C.; ZANOTTO, M. Melhoramento do amendoim. In: Borém, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**, Viçosa, Editora UFV, 2005 (2ª Ed). p. 54-95.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. 5. ed. Porto Alegre, Bookman, 2005. 593 p.
HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.

HENDERSON, C. R. **Maximum likelihood estimation of variance components**. Unpublished manuscript, Department of Animal Science, Cornell University, Ithaca, New York, 1973.

HOLBROOK, C.; STALKER, T. H. Peanut breeding and genetic resources. In: JANICK, J. (Ed.) **Plant Breeding Reviews**, v. 22, 2003. Cap. 6, p. 297-356.

JANINI, J. C.; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Avaliação de espécies silvestres e cultivares de amendoim para resistência a *Enneothrips flavens* Moulton. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 891-898, 2010. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000400015>>. Acesso em: 14 de jan. 2016.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, n. 3, p. 187-200, 1958. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/BF02289233>>. Acesso em: 18 de jan. 2016.

KÖPPEN, W. **Climatologia**. México: Fondo de Cultura Econômica, 1948. 478p.

LEPSCH, I. F.; VALADARES, J. M. A. S. Levantamento pedológico detalhado da Estação Experimental de Pindorama, SP. **Bragantia**, Campinas, v. 35, p. 13-40, 1976. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v35n1/02.pdf>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

MICHELOTTO, M. D.; BARIONI Jr., W.; de RESENDE, M. D. V.; GODOY, I. J.; LEONARDECZ, E.; FÁVERO, A. P. Identification of fungus resistant wild accessions and interspecific hybrids of the genus *Arachis*. **PLoS ONE**, [s.l.], v.10, n.6, p. 1-17, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128811>>. Acesso em: 13 de jan. 2016.

MORAES, A. R. A. de. **Efeito da infestação de *Enneothrips flavens* Moulton no desenvolvimento e produtividade de seis cultivares de amendoim, em condição de campo**. 2005. 104f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia da Produção). IAC, Campinas, 2005.

MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M.; TAKAHASHI, L. S. A.; VASCONCELOS, M. E. C.; GEUS, L. C.; BOTTI, L. Potencial agrônomo e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Revista Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, p. 1051-1060, 2009. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2009v30n4Sup1p1051>>. Acesso em: 18 de jan. 2016.

PEROZINI, A. C.; SILVA, P. S.; GOUSSAIN, R. C. S. Resistência ao ***Enneothrips flavens*** Moulton (Thysanoptera: Thripidae) e o potencial produtivo em genótipos de amendoim de hábito de crescimento rasteiro. **Vértices**, Campos dos Goytacazes, v.16, n.2, p. 79-92, 2014. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.5935/1809-2667.20140019>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

PITTA, R. M.; BOIÇA JÚNIOR; de JESUS, F. G.; TAGLIARI, S. R. A. Seleção de genótipos resistentes de amendoimzeiro a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com base em análises multivariadas. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, n. 2, p. 260-265, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1519-566X2010000200018>>. Acesso em: 13 de jan. de 2016.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; FÁVERO, A. P.; MOURA, N. F.; MICHELOTTO, M. D.; MARTINS, A. L. M. Resistência à mancha preta em populações F₄ selecionadas de cruzamentos entre um amendoim cultivado e um anfidiplóide de *Arachis*. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 512-518, 2011. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000001>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SANTOS, J. F.; GODOY, I. J.; MICHELOTTO, M. D.; FÁVERO, A. P. Resistência à mancha preta e qualidade agrônômica de plantas RC₁F₂ de cruzamentos do híbrido anfidiplóide (*Arachis ipaënsis* x *Arachis duranensis*) com o amendoim cultivado (*A. hypogaea*). **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, p. 280 - 287, 2013. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14110>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SILVA, F. M. **Estratégias de condução de populações segregantes de soja portadoras do gene RR e seleção por meio de análises uni e multivariada**. 2015. 76f. Tese (Doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)). Unesp, Jaboticabal, 2015.

SIMPSON, C. E. Pathways for introgression of pest resistance into *Arachis hypogaea* L. **Peanut Science**, Raleigh, v. 18, p. 22-26, 1991. Disponível em: <<http://peanutscience.com/doi/pdf/10.3146/i0095-3679-18-1-8>>. Acesso em: 15 de jan. 2016.

SINGH, A. K.; STALKER, H. T.; MOSS, J. P. Cytogenetics and use of alien genetic variation in groundnut improvement. In: TSUCHIYA, T.; GUPTA, P. K. (Ed.). **Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution: part B**. Amsterdam, NL: Elsevier Science Publishers. 1991. p. 65-77

STATSOFT, Inc. (2010). STATISTICA, (data analysis software system) versão 10. Disponível em: <<http://www.statsoft.com/>>. Acesso em: 18 de jan. 2016.

VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DESIDÉRIO, J. A.; SANTIAGO, S.; CHARNAL, K.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013. Disponível em: <<http://www.academicjournals.org/journal/AJAR/article-abstract/AE0EB2935683>>. Acesso em: 18 de jan. 2016.

WYNNE, J.C.; HALWARD, T.M. Germplasm enhancement in peanut. In: STALKER, H. T.; CHAPMAN, C. (Ed.). **Science Management of Germplasm: Characterization, Evaluation and Enhancement**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1989, p.155-174.

CAPÍTULO 4 - Considerações finais

Os resultados deste trabalho indicam que as análises univariada e multivariada foram concordantes quanto à seleção das progênies, evidenciando a superioridade agronômica das mesmas, quanto aos componentes de produção e de resistência ao tripses, tendo o anfidiplóide (*A. magna* x *A. cardenasii*)^{4x} como fonte de resistência ao inseto. Porém, apesar de algumas progênies segregantes selecionadas como resistentes apresentarem bons componentes de produção, seu grau de adequação agronômica aos genótipos *A. hypogaea* L. ainda é pequeno.

Assim, a identificação de progênies com resistência ao tripses-do-prateamento geneticamente próximas às espécies do gênero *Arachis* L., constitui interessante fonte para estratégias futuras de introgressão gênica em programas de melhoramento genético da cultura do amendoim, podendo para isso ser utilizado o método dos retrocruzamentos para inserção dos genes desejáveis de resistência e consequente recuperação dos genótipos adaptados dos genitores recorrentes superiores, podendo ser obtido ao final do processo seletivo cultivares comerciais portadoras dos genes de resistência ao tripses e com caracteres agronômicos e comerciais superiores.