



UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E CIÊNCIAS AMBIENTAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

TESE DE DOUTORADO

**GANHOS GENÉTICOS VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO E MODELOS MISTOS
EM AMENDOIM INDICADO PARA O SEMIÁRIDO**

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

AREIA, PB
2019

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

**GANHOS GENÉTICOS VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO E MODELOS MISTOS
EM AMENDOIM INDICADO PARA O SEMIÁRIDO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal da Paraíba, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Agronomia, área de concentração: Agricultura Tropical.

Orientadora: Profa. Dra. Roseane Cavalcanti dos Santos

AREIA, PB

2019

Catálogo na publicação
Seção de Catalogação e Classificação

R175g Ramos, Jean Pierre Cordeiro.

Ganhos genéticos via índice de seleção e modelos mistos em amendoim indicado para o semiárido / Jean Pierre Cordeiro Ramos. - Areia, 2019.
61 f.

Orientação: Roseane Cavalcanti dos Santos.
Tese (Doutorado) - UFPB/CCA.

1. *Arachis hypogaea*. 2. variabilidade. 3. melhoramento. 4. procedimentos de seleção. I. Santos, Roseane Cavalcanti dos. II. Título.

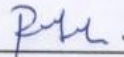
UFPB/CCA-AREIA

JEAN PIERRE CORDEIRO RAMOS

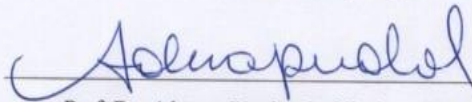
**GANHOS GENÉTICOS VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO E MODELOS MISTOS
EM AMENDOIM INDICADO PARA O SEMIÁRIDO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em
Agronomia da Universidade Federal da Paraíba, como
parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de
Doutor em Agronomia.

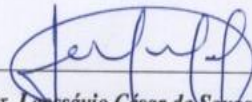
Aprovada em 22 de maio de 2019



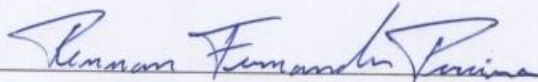
Prof.^a Dra. *Roseane Cavalcanti dos Santos* – Orientadora
CNPA/Embrapa Algodão



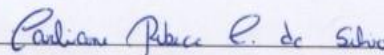
Prof. Dr. *Ademar Pereira de Oliveira* – Examinador interno
UFPB/CCA



Prof. Dr. *Leossávio César de Souza* – Examinador interno
UFPB/CCA



Dr. *Rennan Fernandes Pereira* – Examinador externo
CNPA/Embrapa Algodão



Prof.^a Dr.^a *Carliane Rebeca Coelho da Silva* – Examinador externo
CNPA/Embrapa Algodão

AREIA, PB

2019

*A Deus, que me guia constantemente por um caminho desconhecido.
Aos meus pais que sempre me apoiaram nesta jornada.
Aos mestres que me passaram um pouco de seu conhecimento e sabedoria.*

Ofereço

*Ao meu pai João Batista e minha mãe Maria da Guia, base de toda minha vida.
A minha namorada e melhor amiga Anny Isabelly, companheira amada.
A toda minha família, sangue do meu sangue, que mesmo quando não sabiam me ajudaram
nesta jornada.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A todos aqueles que de alguma forma me ajudaram nessa jornada profissional, que se confunde com minha jornada pessoal, desde o aprendizado das primeiras palavras à construção do perfil cientista, que agora se inicia.

A **Deus**, fonte de toda vida e sabedoria, agradeço o sopro que me faz persistir lutando na certeza que faço parte de um bem maior.

Aos meus pais **João Batista** e **Maria da Guia**, pelo amor doado, pela sabedoria compartilhada, pelo desejo constante de que eu seja feliz.

A minha irmã **Kathyuce**, pela companhia e parceria, e aos meus **familiares**, pelo companheirismo e senso de união, pois com eles sou mais forte.

A minha namorada **Anny Isabelly**, por compartilhar os momentos felizes e difíceis de minha vida, pois a verdadeira felicidade é aquela compartilhada.

Aos verdadeiros mestres que tive o prazer de conhecer em algum momento dessa caminhada, agradeço a ajuda e a parceria. Dentre eles gostaria de destacar **Roseane, Liziane, Jaime, Farias, Mailson, Leossávio, Ademar, Riselane, Silvanda, Walter, Pedro Dantas, Alberto, Josemir, Leoberto, Mário Sergio, Claudio, Elida, Francisco, Leandro, José Pires Dantas, Marcia e Shirleyde**.

Aos **colegas de graduação, mestrado e doutorado** que contribuíram para a concretização desse sonho, e as amigadas construídas nessa caminhada, em especial cito os amigos **José Nilson, Wellison, Carliane, Ciro, Gerkson, Isaias, Renata, Kércio, Jessica, Rennan, Teresinha, Fábria, Antônio, Juarez, Geise, Morgana, Aline, Gérsia, Marília, Fátima, Igor, Adelardo, Isaias e Henrique**, e aos secretários do PPGA **Eliane e Danilo**, pela atenção e prestatividade.

A **Roseane Cavalcanti dos Santos**, que me orienta e me instrui desde o mestrado, e a banca examinadora deste trabalho, representada por **Ademar, Leossávio, Rennan e Carliane**, pela colaboração.

Finalmente, a Universidade Federal da Paraíba, a Embrapa Algodão e a coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo suporte técnico e financeiro, para a realização desse trabalho.

Muito Obrigado!

RAMOS, Jean Pierre Cordeiro. **Ganhos genéticos via índice de seleção e modelos mistos em amendoim indicado para o semiárido**. 2019. 63p. Tese (Doutorado em Agronomia) PPGA/CCA/UFPB, Areia, Paraíba, Brasil. Orientadora: Roseane Cavalcanti dos Santos.

RESUMO GERAL

O amendoim é uma importante leguminosa em todo o mundo, amplamente cultivada no Brasil, principalmente na região Sudeste. O Nordeste tem potencial para a cultura do amendoim, apesar de enfrentar as limitações climáticas, como altas temperaturas e déficit hídrico que podem prejudicar a produção. A melhoria das cultivares adaptadas a essas condições é uma das principais estratégias adotadas pelos melhoristas para alavancar a cultura nesta região. A adoção de ferramentas estatísticas é essencial, pois fornece estimativas das proporções de cada fonte de variação encontradas nos ensaios. A variância genética, o coeficiente de variação genética, a herdabilidade e a precisão seletiva são os principais estimadores, significando uma premissa básica para procedimentos de seleção e consequentes ganhos genéticos. Neste trabalho, estimamos os ganhos obtidos através de práticas seletivas em genótipos de amendoim, cujos achados são relatados em dois capítulos. O primeiro relata os ganhos de seleção das famílias de amendoim RC_1F_3 , resultante do cruzamento entre o anfidiplóide sintético (*A. batizocoi* K9484 x *A. duranensis* SeSn 2848)_{4x} e uma cv comercial BR1 (*A. hypogaea* subsp. *Fastigiata*), submetida a supressão hídrica moderada, visando seleção a seca. Treze famílias de RC_1F_3 foram cultivadas em campo e submetidas a 21 dias de supressão hídrica. Duas cultivares precoces e tolerantes à seca (BR1 e Senegal 55 437) foram utilizadas como controles tolerantes. Oito características agronômicas foram adotadas para caracterizar os materiais. Os modelos mistos (REML / BLUP) e índice de seleção de índice de classificação, proposto por Mulamba & Mock, foram utilizados como procedimentos de seleção. Encontramos uma predominância relativa de variância residual em detrimento da variância genotípica, ou seja, existência de segregação dentro das famílias. Valores de alta precisão foram encontrados para a maioria das características. Das 13 famílias avaliadas, três destacaram-se com base em características agronômicas, com ganhos para: número de vagens/planta, comprimento de vagem e número de sementes/vagem, e aumento de precocidade em, no mínimo, 1 dia. O segundo capítulo teve como objetivo estimar os índices de seleção e pesos econômicos que possibilitam ganhos genéticos máximos em amendoim rasteiro. Onze genótipos foram avaliados em de nove caracteres agronômicos. Os índices utilizados foram: índice clássico de Smith e Hazel (SH),

índice de Pesek e Baker (PB), índice de base de Williams (W), índice de Elston (E), Subandi et al. índice (S), índice Cruz (GI), e o índice baseado na soma dos postos de Mulamba e Mock (MM). Os pesos econômicos foram: características principais (CP), peso 1 (P1) para todas as características, coeficiente de variação genética (CV_g), desvio padrão genético (DP_g) e coeficiente "B", obtido por meio de regressão multivariada. Encontramos um efeito significativo dos genótipos para todas as características ($p < 0,01$), ou seja, variabilidade genética entre os materiais. Altos valores de herdabilidade foram encontrados para a maioria das características (acima de 90%), indicando progresso genético com ciclos de seleção. As combinações SH-CP, SH-P1, SH- DP_g , W-P1 e W- DP_g , seguidas de MM-CP, MM- CV_g , MM- DP_g , GI-CP, GI-P1, GI- DP_g e E, indicaram maiores ganhos para características relacionadas à produção, mas com valores insatisfatórios para IF e MCV. Em geral, o índice de Mulamba e Mock foi o mais promissor quando aplicado com P1 em todas as características, conseguindo equilibrar ganhos próximos aos limites máximos obtidos pela seleção direta, tanto para características de produção quanto de precocidade.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea*, variabilidade, melhoramento, procedimentos de seleção

ABSTRACT

Peanut is an important leguminous at worldwide, widely cultivated in Brazil, mainly in Southeast region. The Northeast have potential for peanut crop, although face the climatic limitations, such as high temperatures and water deficit that could hazard the production. The improvement of cultivars adapted to these conditions is one of the main strategies adopted by breeders in order to leverage the crop in this region. The adoption of statistical tools are essentials, due provide estimates of the proportions of each variation source found in trials. The genetic variance, the coefficient of genetic variation, the heritability and the selective accuracy are the main estimators, meaning a basic assumption for selection procedures and consequent genetic gains. In this work, we estimated the gains obtained through selective practices in peanut genotypes, which findings are reported in two chapters. The first one reports on the selection gains of peanut families RC_1F_3 , resulting from crossing between synthetic amphidioid (*A. batizocoi* K9484 x *A. duranensis* SeSn 2848) $4x$ and a commercial cv. BR1 (*A. hypogaea* subsp. *fastigiata*), submitted to moderate water suppression aiming to selection of drought. Thirteen RC_1F_3 families were grown in the field and submitted to 21 days of water suppression. Two early and drought-tolerant cultivars (BR1 and Senegal 55 437) were used as tolerant controls. Eight agronomic traits were adopted to characterize the materials. The mixed models (REML / BLUP) and rank index selection index, proposed by Mulamba & Mock, were uses as selection procedures. We found a relative predominance of residual variance to the detriment of genotypic variance, meaning existence of segregation within the families. High accuracy values were found for most traits. Of the 13 families evaluated, three highlighted based on agronomic traits, with gains for: number of pods/plant, pod length and number of seeds/pod, and also increase of earliness in, at least, 1 day. The second chapter aimed to estimate the selection indexes and economic weights that enable maximum genetic gains in runner peanut. Eleven genotypes were evaluated through nine agronomic traits. The indices used were: Smith and Hazel (SH) classic index, Pesek and Baker (PB) index, Williams base index (W), Elston index (E), Subandi et al. index (S), Cruz index (GI), and the Index based on Sum of Ranks of Mulamba and Mock (MM). The economic weights were: main traits (MT), weight 1 (W1) for all the traits, coefficient of genetic variation (CGv), genetic standard deviation (GSD) and "B" coefficient, obtained through multivariate regression. We found a significant effect of genotypes for all traits ($p < 0.01$), meaning genetic variability among materials. High heritability values were found for most traits (above 90%), indicating genetic progress with selection cycles. The SH-MT, SH-W1, SH-GSD, W-W1 and W-GSD combinations, followed by MM-MT, MM-

CGv, MM-GSD, GI-MT, GI-W1, GI- GSD and E, indicated higher gains for traits related to production, but with unsatisfactory values for Blooming and Cycle. In general, the Mulamba and Mock index was the most promising when applied with W1 in all traits. It was able to balance gains close to the maximum limits obtained through direct selection, for both production and earliness traits.

Keyword: *Arachis hypogaea*, variability, improvement, selection procedures

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I	2
Table 1: Components of variance (REML estimates) and estimates of genetic parameters to eight agronomic traits obtained from peanut amphidiploid families.....	20
Table 2: General means plus genetic value (u + g), and new mean (NM) of the three best families, based on eight agronomic traits obtained from BC ₁ F ₃ peanut families	22
Table 3: Expected gain from selection of BC 79, BC 87 e BC 51 peanut families based on 8 agronomical traits.....	24
CAPÍTULO II	16
Tabela 1: Coordenadas geográficas, clima, solo, medias de temperatura e umidade relativa do ar e precipitação durante o ensaio nos diferentes ambientes	33
Tabela 2: Origem, genealogia e algumas características agronômicas dos genótipos utilizados no estudo	33
Tabela 3: Análise de variância e parâmetros genéticos das nove características avaliadas em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.....	40
Tabela 4: Correlações genéticas entre as nove características avaliadas em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.....	41
Tabela 5: Estimativas de ganhos (%) pela seleção direta e indireta de caracteres avaliados em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.....	42
Tabela 6: Estimativas de ganhos (%) pela seleção de 4 genótipos para as combinações dos índices de seleção e pesos econômicos em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.....	44

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I	2
CAPÍTULO II	16
Figura 1: Dendograma ilustrando as concordâncias entre as classificações dos genótipos selecionados para as 27 combinações índice/peso econômico, gerado via UPGMA com coeficiente de correlação cofenético de 0,845 e ponto de corte a aproximadamente 80% da dissimilaridade total de acordo com o critério de Mojema (1977).....	45
Figura 2: Projeção gráfica em 2D da dissimilaridade estimada, ilustrando as concordâncias entre as classificações dos genótipos selecionados para as 27 combinações índice/peso econômico.....	46

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	viii
ABSTRACT.....	x
LISTA DE TABELAS	xii
LISTA DE FIGURAS	xiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO	2
2.1. Aspectos gerais do amendoim	2
2.2. Melhoramento do amendoim no Brasil.....	4
2.3. Parâmetros genéticos e Seleção.....	6
3. REFERÊNCIAS.....	10
CAPÍTULO I	13
Abstract.....	14
Introduction.....	15
Material and Methods	16
Results and Discussion	17
Conclusion.....	23
Acknowledgements.....	23
CAPÍTULO II	27
Resumo.....	28
Introdução.....	29
Material e Métodos	30
Resultados e Discussão.....	35
Conclusões.....	43
Referências.....	44
CONCLUSÕES GERAIS.....	46

1. INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma oleaginosa de importância econômica mundial, tendo como principais países produtores a China, Índia, Nigéria e Estados Unidos (USDA, 2019a).

É uma espécie de origem sul-americana, pertencente ao gênero *Arachis* o qual apresenta 81 espécies já descritas, sendo a *A. hypogaea* de maior potencial econômico (Valls et al., 2013). É composta por duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata*, que apresentam diferenças entre si quanto ao hábito de crescimento, altura de planta, padrão de ramificações, disposição de flores nos ramos, ciclo e produtividade, por exemplo, sendo as duas últimas de grande importância na escolha de quais materiais cultivar (Santos et al., 2013).

Na região Nordeste do Brasil, onde as adversidades edafoclimáticas representam fator limitante para o cultivo de muitas culturas, o amendoim, de fácil manejo, ciclo curto e bastante robusto em termos de adaptabilidade a vários tipos de solo, apresenta-se como alternativa agrícola viável, principalmente para a agricultura familiar onde as atividades do manejo são desenvolvidas pela própria família e o cultivo pode ser realizado de forma solteira ou consorciada com o milho no período das águas (Melo Filho e Santos, 2010).

Desta forma, com o objetivo de aumentar a segurança do cultivo de amendoim na região Nordeste, os programas de melhoramento voltados ao desenvolvimento de cultivares que apresentem mecanismos de adaptação ou escape aos períodos de veranico, fator limitante ao cultivo da cultura na região, se mostram como ferramentas promissoras (Pereira et al., 2016).

A Embrapa Algodão é uma instituição de pesquisa que trabalha com o melhoramento genético do amendoim desde meados da década de 1980, tendo como principal diretriz o desenvolvimento de genótipos precoces, produtivos e adaptados às condições semiáridas, tendo lançado até o momento cultivares amplamente cultivadas como a BR1, BRS 151 L7, BRS Havana e BRS Pérola Branca (Santos et al., 2010).

O sucesso de um programa de melhoramento genético vegetal é dependente da existência de variabilidade genética na população de trabalho. Tal pressuposto parte do princípio de que cruzamentos entre pais divergentes aumentam a probabilidade de se obter indivíduos transgressivos em populações segregantes (Cruz et al., 2014).

A genética quantitativa é uma ferramenta que possibilita extrair informações genéticas a partir de dados fenotípicos, que são diretamente mensurados em ensaios experimentais. A partir dessas informações pode-se inferir sobre os parâmetros genotípicos populacionais, como

herdabilidade, por exemplo, que representa o quanto da variação fenotípica é devida a fatores genéticos em termos percentuais (Dalbosco et al., 2018).

Ao se identificar a existência de variabilidade genética, realiza-se a seleção dos materiais promissores com o intuito de aumentar a frequência de alelos favoráveis, e assim estimar os ganhos obtidos por meio da seleção. De forma geral, a seleção pode ser baseada na identificação de materiais que apresentem potencial elevado para determinada característica, ignorando ou desprezando, momentaneamente, seu perfil para o restante dos caracteres. Esse tipo de seleção proporciona ganhos maximizados para o caráter selecionado, porém pode levar a perdas consideráveis em relação a outros caracteres (Hazel e Lush, 1942).

Outro método bastante promissor para a seleção de materiais, que leva em consideração uma gama de caracteres simultaneamente, é a teoria de índices de seleção. Nela são estabelecidas funções lineares representadas por todos os caracteres avaliados, onde o potencial de cada material genético será representado por um índice, que servirá de base para seleção de indivíduos promissores (Resende, 2015).

Com base no exposto, realizou-se este trabalho com o objetivo de estimar ganhos genéticos a partir da seleção em população oriunda de retrocruzamento entre o BR1 e anfidiplóides via modelos mistos, assim como a comparação de diferentes índices de seleção aplicados em acessos da subespécie *hypogaea*.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Aspectos gerais do amendoim

A espécie *Arachis hypogaea* L. é uma dicotiledônea pertencente à família Leguminosae (Fabaceae), subfamília Faboideae, gênero *Arachis*, seção Axonomorphae, série Amphiploides (Nogueira et al., 2013).

O gênero tem provável origem na Serra de Amambay, fronteira do Brasil (Mato Grosso) e Paraguai há cerca de 4000 anos, tempo necessário para dispersão das espécies por toda América do Sul (Krapovickas e Gregory, 1994). A maioria das espécies de *Arachis* é diploide, com número de cromossomos $2n=20$. Há apenas quatro espécies diplóides com $2n=18$ cromossomos. A espécie *A. hypogaea* é tetraploide com $2n=4x=40$, com provável origem ligada ao cruzamento entre duas espécies silvestres diplóides, provavelmente *A. duranensis* e *A.*

batizocoi, gerando uma espécie estéril a qual teve seu número de cromossomos duplicados, retomando assim seu potencial reprodutivo (Leal-Bertioli et al., 2015).

Dentre as 81 espécies já descritas (Valls et al., 2013), a *A. hypogaea* é a de maior potencial econômico, com distribuição natural na América Latina, especialmente em países como Brasil, Bolívia, Paraguai, Argentina e Uruguai (Krapovickas e Gregory, 1994; Valls e Simpson, 2005).

A planta do amendoim é herbácea de crescimento indeterminado, com altura variando entre 12 cm e 60 cm, dependendo do tipo botânico. As flores são agrupadas em inflorescências que, após fertilizadas, dão início ao desenvolvimento dos ginóforos, estruturas fibrosas dotadas de geotropismo positivo que carregam os embriões na extremidade. Após penetração no solo, se inicia o desenvolvimento horizontal da vagem, que ocorre na ausência de luz (Santos et al., 2013).

O amendoim se reproduz quase que exclusivamente por autogamia, com baixa taxa de polinização cruzada (inferior a 1%). A dispersão das sementes é bastante restrita, não ultrapassando 1 m de distância da planta matriz, podendo ser transportada por meios alternativos como pela água em períodos de cheias ou via animais, por exemplo (Krapovickas e Gregory, 1994; Valls e Simpson, 2005).

A espécie é subdividida em duas subespécies, *hypogaea* e *fastigiata* (Nogueira et al., 2013). Na subespécie *hypogaea* estão incluídos os acessos do tipo agrícola Virgínia e variedade *hirsuta*, ambos de porte rasteiro, de ciclo longo, entre 120 e 140 dias, ausência de flores na haste principal, ramificações vegetativas ou reprodutivas alternadas nos ramos primários, frutos com uma ou duas sementes e retículo do pericarpo bastante marcado. A subespécie *fastigiata* é composta de quatro variedades, *vulgaris*, *fastigiata*, *aequatoriana* e *peruviana*, todas de porte ereto. Os acessos *vulgaris* apresentam ramificações vegetativas e reprodutivas desordenadas ao longo dos ramos principais e com frutos bisseminados, representados pelo tipo botânico Spanish. Os acessos da variedade *fastigiata*, com vagens contendo entre 2 a 6 sementes, são representados pelo tipo agrícola Valência (Valls, 2005).

No aspecto econômico, o amendoim (*A. hypogaea*) é uma oleaginosa de grande importância mundial, sendo a quinta mais cultivada, correspondendo a produção de aproximadamente 41,8 milhões de t, ocupando área de 25,2 milhões de ha (USDA, 2019a). Entre os países produtores China, Índia, Nigéria, Estados Unidos e Sudão se destacam na produção de amendoim em casca (USDA, 2019b).

A América do Sul, provável centro de origem da espécie, responde por 3,5% do total mundial sendo representado apenas pela Argentina, com produção 1,01 milhões de t, e pelo Brasil, com apenas 0,47 milhão de t (USDA, 2019b).

No Brasil, de acordo com as estimativas da Companhia Nacional de Abastecimento para a safra 2019, espera-se uma produção de 430 mil t, sendo deste total aproximadamente 95% relativo apenas pelo estado de São Paulo. Na região Nordeste, apesar do valor socioeconômico agregado a agricultura familiar, sua representação no total nacional ainda se mostra bastante diminuto, menos de 1%, sendo representado pelos estados da Bahia, Paraíba e Ceará, com 1,4, 0,4 e 0,4 mil t, respectivamente (CONAB, 2019).

Nessa região, o sistema de cultivo se realiza principalmente com base no sistema de agricultura familiar, apresentando produtividades médias em torno de 970 kg ha⁻¹, caracterizando-se consideravelmente abaixo da média nacional de 2.978 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019). Apesar de tais estimativas, o amendoim destaca-se como promissor para o Nordeste brasileiro por possibilitar a obtenção de vagens de boa qualidade, tanto a nível fitossanitário quanto sensorial (Pereira et al., 2016).

2.2. Melhoramento do amendoim no Brasil

Entre o final da década de 1960 e início da década de 1970, o Brasil se destacava entre os principais países produtores de amendoim, sendo o produto direcionado em sua maioria para a produção de óleo. Em meados da década de 1970 houve uma inversão do mercado devido a alguns fatores, especialmente a queda da demanda de exportação decorrente de contaminação do produto nacional por aflatoxina, devido a contaminação pelo fungo *Aspergillus*, isso contribuiu para a queda do preço do amendoim e redução da área plantada e, conseqüentemente a uma reviravolta no perfil de mercado nacional, onde antes predominava a indústria de esmagamento migrando para o mercado de consumo “*in natura*” (Martins e Perez, 2006).

As pesquisas realizadas com amendoim, até o início da década de 1980, eram orientadas para atender às demandas existentes no eixo Centro-Sul do país. A partir de 1986, os trabalhos evoluíram para o Nordeste, tendo como principais linhas de pesquisa o fitomelhoramento e manejo cultural. A partir da década de 1990, as linhas de pesquisa passaram a ser mais abrangentes, envolvendo também as áreas de tecnologia de sementes e de alimentos, engenharia agrícola, fitopatologia, entomologia, ecofisiologia e genética-bioquímica, sendo lançadas no mercado, até o momento, cultivares precoces, produtivas, resistentes a pragas e doenças e

adaptadas às condições semiáridas como as comerciais BR1, BRS 151 L7 e BRS Havana (Melo Filho e Santos, 2010; Santos et al., 2013).

No melhoramento convencional de plantas, a disponibilidade de variabilidade genética suficiente para suprir a demanda dos programas de melhoramento é de fundamental importância, assim como o conhecimento das características intrínsecas dos genótipos que constituem a população de trabalho (Yusuf et al., 2017).

A identificação de prováveis genitores que acumulem variações resultantes do processo de evolução e conseqüente diversidade genética é de grande importância, visto que o cruzamento entre tais genitores possibilita o aumento da probabilidade da obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz et al., 2012). De acordo com Santos et al. (2013), várias características servem de base para indicação de genótipos promissores nos trabalhos de melhoramento, tais como a produção de vagens, precocidade, resistência ou tolerância a fatores bióticos e abióticos, qualidade de vagens e de grãos, entre outros.

Contudo, a identificação de potenciais genitores nem sempre é tarefa fácil, visto que o amendoim apresenta base genética estreita como efeito de sua origem monofilética, além da autopolinização e falta de fluxo gênico (Yusuf et al., 2017). A maioria das cultivares comerciais nacionais tem origem resultante da seleção ou hibridação, cuja base genética é limitada a cultivares recorrentes ou obsoletas. Como exemplo de cultivares oriundas da seleção diretamente em acessos tem-se a BR1, BRS Havana, IAC Tatu-ST, Runner IAC 886 e a IAPAR 25 Tição. Em relação aos materiais oriundo de cruzamentos cita-se a BRS 151 L7 (cruzamento entre IAC Tupã X Senegal 55 437), IAC Oirã (Tatuí X Roxo 80-1), IAC Poitara (Tatuí X Roxo 80-1), IAC Tupã (CA 84 X Tatu Amarelo), IAC 5 (Tatuí X acesso 5567 do IAC), IAC 22 (Tatuí X germoplasma 5567 do IAC), IAC 8112 (Tatuí X acesso 189 do IAC) (Ribeiro, 2013).

Como alternativa de aumentar a base genética do amendoim cultivado, surge a proposta de introgressão de genes oriundos de espécies selvagens de *Arachis*. Essa é uma atraente estratégia para dinamizar a base genética das cultivares comerciais, embora seja uma prática pouco adotada por melhoristas devido a diferenças nos níveis de ploidia e barreiras cromossômicas. Resultados de introgressão bem-sucedidos foram reportados com as espécies *A. magna* e *A. kempff-mercadói*, para resistência a tripes (Paula et al., 2017), e *A. duranensis*, para resistência a cercosporioses (Fávero et al., 2009), e tolerância ao estresse hídrico (Fávero et al., 2015; Leal-Bertioli et al., 2015, 2017).

2.3. Parâmetros genéticos e Seleção

O êxito do melhoramento genético de determinada característica é diretamente dependente de que esta seja herdável e que exista variação na população de trabalho. Quando o caráter apresenta fenótipo qualitativo, a herança apresenta padrões simples, baseando-se em proporções das diferentes classes fenotípicas avaliadas nas descendências a partir de cruzamentos. Já para os caracteres quantitativos, a herança apresenta padrão complexo, sendo resultante da ação de múltiplos genes com efeitos individuais pequenos e que sofrem muita influência do ambiente (Cruz et al., 2014).

A genética quantitativa possui relevância para o melhoramento genético, por atuar diretamente nesses caracteres quantitativos, possibilitando identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis. Para tanto, modelos genético-estatísticos são utilizados na obtenção das estimativas de parâmetros genéticos, os quais possibilitam identificar a natureza da ação dos genes envolvidos na expressão das características estudadas, assim como servem de indicadores das chances de sucesso, ou insucesso, na obtenção de ganhos em processos seletivos (Resende, 2015).

Entre os parâmetros de maior importância, destacam-se a variância genética, coeficiente de variação genotípico, herdabilidade, razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual, acurácia seletiva, entre outros. A estimativa de variância genética é obtida a partir do desdobramento dos quadrados médios obtidos via análise de variância ou por modelos mistos, sendo indicativo, ou não, da existência de variabilidade genética na população de trabalho. A partir deste parâmetro pode-se identificar outros estimadores como o coeficiente de variação genotípico, que está relacionado ou percentual de variação da média fenotípica que é correspondente a fatores genéticos; a herdabilidade que representa a razão entre a variância genotípica e fenotípica, sinalizando que as diferenças entre médias testadas podem, ou não, serem herdadas; assim como a acurácia seletiva que se trata da correlação entre o valor genotípico verdadeiro e o valor estimado a partir do ensaio experimental (Resende, 2007).

Por sua vez, o termo seleção pode ser estabelecido como a reprodução diferencial de materiais pertencentes a determinada população natural, por meio da diferença de fertilidade e sobrevivência (seleção natural) ou mediante critérios estabelecidos pelo homem (seleção artificial). De forma geral, a seleção atua na modificação das frequências alélicas nos locos que controlam a característica sob seleção, resultando em alterações na média genotípica da população na direção desejada. O melhorista, ao praticar seleção, atua em dois níveis, o

primeiro sendo relativo à predição de valores genotípicos dos indivíduos e o segundo relacionado a tomada de decisão sobre a melhor forma de explorar os potenciais genéticos da população (Resende, 2015).

Na seleção de materiais superiores pertencentes a determinada população, a possibilidade de prever os ganhos obtidos com adoção de uma dentre as estratégias disponíveis, se constitui em uma das principais contribuições da genética quantitativa, além de permitir a orientação efetiva no programa de melhoramento por prever o sucesso do esquema seletivo (Dalbosco et al., 2018).

A seleção de genótipos se baseia na identificação de materiais que apresentem desempenho comparativamente superior para uma série de atributos favoráveis. Para obter tais materiais a seleção pode ser realizada com base em uma ou poucas características por vez. Porém, tal método tem se mostrado pouco eficiente por conduzir a obtenção de materiais promissores em relação aos caracteres considerados, contudo com desempenho comprometido em relação aos outros caracteres não avaliados, mas que possuem um peso considerável no produto final (Hazel e Lush, 1942).

Como alternativa para aumentar as chances de sucesso dos programas de melhoramento tem-se adotadas algumas metodologias de seleção que visam a obtenção de materiais com desempenho favorável para o conjunto de caracteres que apresentam importância econômica. Dentre os diferentes métodos citam-se o sistema em “tandem”, os níveis independentes de eliminação e a teoria de índices de seleção (Dalbosco et al., 2018).

O sistema em “tandem” se baseia na seleção de um caráter por vez, esperando que os demais caracteres permaneçam inalterados ou sejam melhorados indiretamente via correlação positiva com o caráter em seleção. Após a obtenção do ganho desejado para o caráter selecionado, procede-se novo ciclo seletivo para outro caráter, sendo repetido este processo até que se obtenha um material com desempenho satisfatório para todos os caracteres considerados (Cruz et al., 2012).

Nos níveis independentes de eliminação, a identificação de materiais superiores é baseada no estabelecimento de níveis mínimos, ou máximos, para os caracteres avaliados, e a seleção é realizada nos indivíduos que apresentem desempenho dentro dos limites preestabelecidos. Por sua vez, o índice de seleção constitui-se num caráter adicional estabelecido via combinação ótima por meio de função linear, onde os diferentes caracteres avaliados são considerados simultaneamente, podendo ainda ser ponderados de acordo com suas respectivas importâncias econômicas. De forma geral, a seleção com base no índice mostra-se mais eficiente que a

seleção via níveis independentes de eliminação, que por sua vez é mais eficiente que a seleção em “tandem” (Cruz et al., 2014).

Atualmente, existem diferentes índices de seleção, dentre eles, destaca-se o índice de seleção proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), que se constitui em combinação linear ótima de todos os caracteres de importância econômica avaliados. Neste, são estabelecidos dois princípios, o índice de seleção e o agregado genotípico, onde o primeiro é constituído por função linear das médias fenotípicas ponderadas por coeficientes, que visam a maximização da correlação entre o índice e o agregado genotípico, que por sua vez trata-se de uma outra função linear constituída dos valores genotípicos ponderados pelos respectivos pesos econômicos das variáveis em estudo.

Este índice, pioneiro no melhoramento genético vegetal, mostra-se eficiente por considerar os valores genotípicos, que são as estimativas diretamente herdáveis e consequentemente expressas em futuras gerações, e não apenas os valores fenotípicos, que podem sofrer fortes influências de fontes não controladas. Porém, a estimativa do índice realmente eficaz está fortemente relacionada a disponibilidade de matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas fidedignas, assim como pesos econômicos, relativos aos vários caracteres, bem estimados. Vale ressaltar que em trabalhos de melhoramento nem sempre é possível obter a estimativa de matrizes de variância e covariâncias, pelo fato de os ensaios não apresentarem os pré-requisitos básicos da experimentação como repetibilidade, por exemplo. A este fato, acrescenta-se a dificuldade de se estimar os valores econômicos que expressem o real peso dos diferentes caracteres no mérito total da cultura (Cruz et al., 2012).

O estabelecimento dos pesos econômicos dos diferentes caracteres é de alta complexidade e tem levado a limitações do uso dos índices. Dentre os aspectos que influenciam a estimativa dos pesos, Hazel e Lush (1942) destacam que os caracteres considerados como secundários devem receber valores iguais a 0 (zero), levando a sua exclusão em termos de influência direta no mérito genético, porém, com efeito indireto nos ganhos dos caracteres principais via covariâncias genotípicas. Baker (1986) acrescenta que os pesos econômicos devem ser estabelecidos respeitando-se a proporcionalidade das características em estudo, onde diferenças em unidades de medição e, consequentemente, amplitudes de expressão, devem ser ponderados de forma a minimizar erros de interpretação. Para Cruz (1990), os pesos econômicos podem, ainda, ser estabelecidos com base em parâmetros genéticos dos próprios dados experimentais, como o coeficiente de variação genético e desvio padrão genético, por exemplo.

Levando em consideração a dificuldade de se estabelecer os pesos econômicos com exatidão, Pesek e Baker (1969) propuseram a obtenção de índice onde, os pesos econômicos poderiam ser substituídos pelos ganhos desejados pelo melhorista para os caracteres avaliados. Este método parte da expressão de ganhos esperados, a partir da qual os coeficientes de ponderação fenotípicos são estimados, levando à maximização dos ganhos em cada característica.

Com o objetivo de evitar erros de interpretação por causa de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, Williams (1962) propôs o estabelecimento de índice resultante da combinação linear direta dos valores fenotípicos, mensurados no ensaio, ponderados pelos seus respectivos pesos econômicos. Esse índice equivale ao índice proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) quando as matrizes de variância e covariância fenotípicas forem predominantemente de causas genéticas.

Um método que dispensa a necessidade de obtenção das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, assim como a identificação dos pesos econômicos relativos aos diferentes caracteres foi proposto por Mulamba e Mock (1978). Este método consiste na classificação dos diferentes genótipos, em termos de médias fenotípicas, para cada caráter em ordem favorável ao melhoramento, sendo ao final, somadas as ordens de cada material em relação a cada característica e tomadas como o índice, onde os materiais com menores valores do somatório são os mais promissores.

Outro índice proposto com o objetivo de dispensar a necessidade de obtenção das matrizes de variâncias e covariâncias e pesos econômicos foi proposto por Elston (1963). Neste, são estabelecidos níveis mínimos ou máximos para cada caráter e o produto dos desvios das médias em relação a tais níveis, o qual é definido como o índice. Com o mesmo objetivo de dispensar a obtenção das matrizes de variâncias e covariâncias e pesos econômicos, tem-se o índice multiplicativo de Subandi et al. (1973) que, por meio da multiplicação das médias fenotípicas dos diferentes genótipos, de acordo com o sentido de seleção preestabelecido, identifica os materiais mais promissores.

Mais recentemente, Cruz (2006) propôs um método alternativo para estimação dos índices por meio computo da distância genética entre os indivíduos avaliados e um ideótipo, via análise de dispersão gráfica, onde a identificação de genótipos superiores se baseia na proximidade entre os indivíduos e o ideótipo no plano cartesiano.

3. REFERÊNCIAS

- BAKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. CRC Press, 1986, 218p.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2018/2019**. V. 6 - SAFRA 2018/19- N. 4 - Sétimo levantamento, ABRIL 2019. Brasília, DF: Conab, 69p. 2019. Acesso em: 15 de abril de 2019. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra/boletimgraosabril2019.pdf>.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990,188p.
- CRUZ, C.D. **Programa genes – biometria**. Viçosa: UFV, 2006, 668p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2014. 668p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4º ed. Viçosa: UFV, 2012, 514p.
- DALBOSCO, E.Z.; KRAUSE, W.; NEVES, L.G.; ARAÚJO, D.V.; HIEGA, K.M.R.; SILVA, C.G. Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.40, p.1-8, 2018.
- ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v.19, p.85-97, 1963.
- FÁVERO, A.P.; MORAES, S.A.; GARCIA, A.A.F.; VALLS, J.F.M.; VELLO, N.A. Characterization of rust, early and late leaf spot resistance in wild and cultivated peanut germplasm. **Scientia Agricola**, v.66, p.110-117, 2009.
- FÁVERO, A.P.; SANTOS, R.F.; SIMPSON, C.E.; VALLS, J.F.M.; VELLO, N.A. Successful crosses between fungal-resistant wild species of *Arachis* (section *Arachis*) and *Arachis hypogaea*. **Genetic Molecular Biology**, v.38, p.353-365, 2015.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.
- HAZEL, L.N.; LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity**, v.33, p.393-399, 1942.
- KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W.C. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia** v.8, p.1-186, 1994.
- LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; MORETZSOHN, M.C.; SANTOS, S.P.; BRASILEIRO, A.C.M.; GUIMARÃES, P.M.; BERTIOLI, D.J.; ARAÚJO, A.C.G. Phenotypic effects of

allotetraploidization of wild *Arachis* and their implications for peanut domestication. **American Journal of Botany**, v.104, p. 379-388, 2017.

LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; SANTOS, S.P.; DANTAS, K.M.; INGLIS, P.W.; NIELEN, S.; ARAÚJO, A.C.G.; SILVA, J.P.; CAVALCANTE, U.; GUIMARÃES, P.M.; BRASILEIRO, A.C.M.; CARRASQUILLA-GARCIA, N.; PENMETS, R.V.; COOK, 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, p.237-249, 2015.

MARTINS, R.; PEREZ, L.H.; Amendoim: inovação tecnológica e substituição de importações, Brasil, 1996-2005. **Revista Informações Econômicas**, v.36, p.7-19, 2006.

MELO FILHO P.A.; SANTOS, R.C.; A cultura do amendoim no Nordeste: situação atual e perspectivas. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica**, Recife-PE, v.7, p.192-208, 2010.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

NOGUEIRA, R.J.M.C.; TÁVORA, F.J.A.F.; ALBUQUERQUE, M.B.; NASCIMENTO, H.H.C.; SANTOS, R.C. Ecofisiologia do amendoim (*Arachis hypogaea* L.). In: SANTOS, R. C.; FREIRE, R.M.M.; LIMA, L.M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, p.73-113, 2013.

PAULA, A.F.; DINATO, N.B.; VIGNA, B.B.Z.; FÁVERO, A.P. Recombinants from the crosses between amphidiploid and cultivated peanut (*Arachis hypogaea*) for pest-resistance breeding programs. **Plos One**, v.12, p.1-15, 2017.

PEREIRA, J.W.L.; ALBUQUERQUE, M.B.; MELO FILHO, B.A.; NOGUEIRA, R.J.M.C.; LIMA, L.M.; SANTOS, R.C. Assessment of drought tolerance of peanut cultivars based on physiological and yield traits in a semiarid environment. **Agricultural Water Management**, v.166, p.70-76, 2016.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v.49, p.803-804, 1969.

RESENDE, M.D.V. **Genética Quantitativa e de Populações**. Viçosa-MG: Suprema, 2015, 463p.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007, 561p.

- RIBEIRO, G.P. Desempenho agrônômico de cultivares de amendoim no Paraná para rendimento de grãos, teor de óleo e qualidade fisiológica de sementes. Cascavel-PR, UNEOEST, 2013, 71p, Dissertação (Mestrado).
- 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. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, p.117-184, 2013.
- SANTOS, R.C.; RÊGO, M.G.; SILVA, A.P.G.; VASCONCELOS, J.O.L.; COUTINHO, J.L.B.; MELO FILHO P.A. Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v.14, p.589-593, 2010.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, v.7, p.240-250, 1936.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L.T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. *Crop Science*, v.13, p.184-186, 1973.
- USDA. United States Departamento of Agriculture. **Oilseeds: world markets and trade**. Foreign Agricultural Service. April 2019a. Acesso em: 15 de abril de 2019. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade>.
- USDA. United States Departamento f Agriculture. **World Agricultural Production**. Foreign Agricultural Service. April 2019b. Acesso em: 15 de abril de 2019. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>.
- VALLS, J. F. M.; Recursos genéticos de *Arachis*: Avanços no conhecimento botânico e a situação atual de conservação e uso. *Revista Agrociencia*, v.9, p.123-132, 2005.
- VALLS, J.F.M.; COSTA, L.C.; CUSTÓDIO, A.R. A novel trifoliolate species of *Arachis* (Fabaceae) and futher comments on the taxonomic section *Trirectoides*. *Bonplandia*, v.22, p.91-97, 2013.
- VALLS, J.F.M.; SIMPSON, C.E. New species of *Arachis* (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. *Bonplandia*, v.14, p.35-63, 2005.
- WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, v.18, p.375-393, 1962.
- YUSUF, Z.; ZELEKE, H.; MOHAMMED, W.; HUSSEIN, S.; HUGO, A. Estimate of Genetic Variability Parameters among Groundnut (*Arachis hypogaea* L.) Genotypes in Ethiopia. *International Journal of Plant Breeding and Crop Science*, v.4, p.225-230, 2017.

CAPÍTULO I

Prediction of genotypic values and selection gains in peanut lines derived from synthetic amphidiploid

Prediction of genotypic values and selection gains in peanut lines derived from synthetic amphidiploid

Jean Pierre Cordeiro Ramos⁽¹⁾, Wellison Filgueiras Dutra⁽¹⁾, Yrlânia de Lira Guerra⁽²⁾, Lucas Nunes da Luz⁽³⁾, José Jaime Vasconcelos Cavalcanti⁽⁴⁾, Carliane Rebeca Coelho da Silva⁽⁵⁾, Soraya Leal Bertoli⁽⁶⁾, David Bertoli⁽⁷⁾, Roseane Cavalcanti dos Santos⁽⁴⁾

⁽¹⁾Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal da Paraíba, Rodovia PB 079, km 12, CEP 58397-000, Areia-PB, Brasil, jean.jp31@gmail.com, ORCID: 0000-0003-3112-3903, wellison_eu@hotmail.com, ORCID: 0000-0002-0378-8046 ⁽²⁾Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 52171-900, Recife-PE, Brasil, yrla_ig@hotmail.com ⁽³⁾Instituto de Desenvolvimento Rural, Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Avenida Abolição, 3, Centro, CEP: 62790-000, Redenção-CE, Brasil, lucasluz@unilab.edu.br ⁽⁴⁾Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Algodão, Rua Oswaldo Cruz, nº 1143, Centenário, CEP 58428-095, Campina Grande-PB, Brasil, jaime.cavalcanti@embrapa.br, roseane.santos@embrapa.br. ⁽⁵⁾Pós-Doc - RENORBIO/UFRPE, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 52171-900, Recife-PE, Brasil, carliane.rebeca@gmail.com, ORCID: 0000-0002-9462-5823 ⁽⁶⁾Plant Pathology Department/Center for Applied Genetic Technologies, University of Georgia, Athens, GA, United States of America, sorayab@uga.edu, ORCID: 0000-0002-9683-5357 ⁽⁷⁾Crop and Soil Science Department/Center for Applied Genetic Technologies, University of Georgia, Athens, GA, United States of America

Abstract

Genotypic values and selection gains were estimated in peanut lines derived from backcrossing with synthetic amphidiploid (*A. batizocoi* x *A. duranensis*)_{4x} and a commercial cultivar, based on agronomical traits. Thirteen BC₁F₃ lines were grown in the field and submitted to 21 d of water suppression. Two earliness and drought tolerant cultivars (BR 1 and Senegal 55 437) were used as controls. Eight agronomic traits were adopted to characterize the lines. The estimates were based on mixed models (REML/BLUP) and Sum of Ranks Selection Index. We found that residual variance was greater than genotypic one, indicating existence of variability within the families. Most traits showed high accuracy values. Three families showed increased number of pods/plant, pod length and number of seeds/pod. Negative gains were achieved for time for blooming and full pod maturation. As these traits are used as criteria for selection for earliness, these results favor the identification of short-cycle plants and prone to tolerate dry environments.

Keywords: *Arachis hypogaea*, selection index, water stress, REML/BLUP, genetic gains.

Introduction

Peanut (*Arachis hypogaea* L.) is a worldwide-grown oilseed, with an annual grain production of over 44 million tons. China, India, the United States and Nigeria are the main growers. In South America, Argentina and Brazil produce about 1.62 million tons of peanut that are intended to oil and food markets (USDA 2018).

The *Arachis* genus, that is characterized by subterranean fruits, has 81 species described (Valls et al. 2013) and is very rich genetically, with mostly diploid species ($2n = 2x = 20$), but also aneuploids ($2n = 2x = 18$) and two tetraploids ($2n = 4x = 40$) (Valls and Simpson 2005; Krapovickas and Gregory 2007; Valls et al. 2013).

Peanut is a tetraploid divided into two subspecies, *fastigiata* and *hypogaea*. Due to the difference on ploidy levels among wild species and consequently the absence of gene flow, the genetic basis of peanut is quite limited (REF). The introgression of genes from wild species to *A. hypogaea* is an attractive strategy to dynamize the genetic basis of commercial cultivars, although it is a practice little adopted by breeders due to the difficulty in obtaining amphidiploid hybrids from the wild diploids that are compatible with *A. hypogaea*. In literature, some examples of introgression success are reported, such as 'Coan' (Simpson and Starr, 2001), 'NemaTAM' (Simpson et al., 2003) and 'Tifguard' cultivars (Holbrook et al., 2008), all nematode-resistant, inherited from *A. cardenasii* genes. In Senegal, peanut researchers have used amphidiploids for production of cultivars tolerant to drought (Faye et al., 2016).

According to Simpson (2001), several methods are available to transferring genes from wild species to *A. hypogaea*, but the use of crossing with species that represent the genomes A and B, with subsequent doubling of the number of chromosomes, are more usual. Further backcrossing steps are necessary in order to raise the percentage of favorable genes and to aggregate the absent alleles in recipient plant.

In Brazil, the introgression researches using *Arachis* wild germplasm began in 2000, focusing on tolerance to foliar diseases (Fávero et al., 2006). Since then, several synthetic amphidiploids have been generated using species resistant to pathogens (*Cercospora arachidicola*, *Cercosporidium personatum*, *Puccinia arachidis* and *Meloidogyne* spp.) and also tolerance to drought (Fávero et al. 2015; Leal-Bertioli et al. 2015, 2017). All amphidiploids were crossed with Brazilian cultivars and later backcrossed, in order to recover the phenotype of commercial cultivars.

This work reports on selection gains of peanut families, resulting from crossing between an amphidiploid (*A. batizocoi* K9484 x *A. duranensis* SeSn 2848)_{4x} (Leal-Bertioli et al., 2015) and a commercial cultivar, (*A. hypogaea* subsp. *fastigiata*), submitted to moderate water suppression. The selection procedures were based on mixed models (REML/BLUP) and simultaneous selection of traits (Rank Sum Index).

Material and Methods

The induced allotetraploid (*A. batizocoi* K9484 x *A. duranensis* SeSn 2848)_{4x} was produced using wild accessions from the *Arachis* Germplasm Bank, At EMBRAPA Genetic Resources and Biotechnology (Leal-Bertioli et al., 2015). Then, the allotetraploid was crossed and backcrossed with BR 1, an earliness and upright peanut cultivar, widely adapted to tropical and semiarid environments (Gomes et al. 2007; Pereira et al. 2016).

After self-fertilization of BC₁F₁, a total of 208 seeds (BC₁F₂) were obtained and grown in green house (Recife, 8°03'14"S 34°52'51"W, 7m), in 20 L pots containing sandy-loam textured soil previously limed and fertilized. At 25 d of growth, plants were submitted to water suppression during 15 d and then rehydrated until the end of the cycle. At harvest, 13 progenies were selected, based on Harvest index (HI ≥ 35%) and drought tolerance index (DTI ≥ 0.7). The HI and DTI were estimated according Painawadee et al. (2009) and Nautiyal et al. (2002), respectively. Each progeny originated a family, represented by 10 seeds (BC₁F₃), that were grown in the field (Campina Grande, PB, 7°13'50 "S, 35°52'52" W, 551 m, semiarid climate), at the end of rainy season (Jul-Oct). Plants were sown in 3m-rows, spaced in 70 x 30 cm, and submitted to 21 d of water suppression, from 25 d after emergence. Thereafter, the irrigation was restored, maintaining watering equivalent to 400 mm during the cycle (Assunção and Escobed, 2009).

The both upright and earliness cultivars, BR 1 (*fastigiata*, var. *fastigiata*) and Senegal 55 437 (*fastigiata*, var. *vulgaris*), were adopted as testers. A completely randomized design was adopted with 5 replicates to testers. Each progeny was taken as a replicate. The means of max and min temperatures recorded during the assay were 28°C to 19°C, respectively. The mean of relative humidity of the air was 71%.

The following traits were evaluated: Full pod maturation (FPM), Blooming (B), Main stem height (MSH), Number of pods/plant (NPP), Pod length (PL), Number of seed/pod (NSP), 100 seeds weight (100SW) and 100 pods weight (100PW). The earliness of the progenies was based on the lower means of FPM and B (Santos et al., 2010).

The components of variance were estimated through REML method and the genetic values were predicted through BLUP method, based on this equation:

$$Y = Xr + Zg + \varepsilon, \text{ where:}$$

Y = vector of observed data;

X and Z = incidence matrices for r and g , respectively;

r = vector of repetition effects (fixed) added to the general average;

g = vector of genotypical effects (random) of plants;

ε = vector of errors (random) (Resende, 2002).

The analyzes of variance components and genetic values were performed using the REML/BLUP model 21, which allows the evaluation of autogamous lines based on one observation per plot. The Sum of Ranks selection index (Mulamba and Mock, 1978) was adopted, which is based on the classification of families, taking in account the load of each trait, previously established by the breeder. After this classification, the orders of each family are added based on each trait, resulting in additional measurement (selection index) according to this formula:

$$I = 1 + 2 + 3 + \dots + n, \text{ where}$$

I = index value for a given family;

r_n : classification of a family in relation to the n^{th} trait. Each trait is loaded according to a value established by the breeder, generating the following linear function:

$$Y = p_1 I_1 + p_2 I_2 + p_3 I_3 + \dots + p_n I_n, \text{ where}$$

p_n = load attributed by the breeder to the n^{th} trait (Resende, 2002).

To NPP, PL, NSP, 100SW, 100PW, the traits were loaded equivalently according to their agronomic importance for the crop, all receiving value “1”; to both FPM and B, the means were ranked in ascending order in order to favor the selection of earliness families. To MSH, PL and NSP, these traits were loaded with value “0” due to low amplitude of phenotypic expression. Data were analyzed through Genes 2016.6.0 software (Cruz, 2013) and Selegen-Reml/Blup (Resende, 2016).

Results and Discussion

Thirteen families (BC₁F₃) obtained through introgression from *Arachis*-wild species to peanut were submitted to 21 days of water restriction, in order to identify lines tolerant to water stress, based on agronomic traits analyzed through mixed models (REML/BLUP) and Sum of

Ranks Selection. During the water stress period, the plants within each family showed different levels of symptoms, indicating allelic segregation for the tolerance traits. Loss of turgescence, reduced growth and plant death were seen, mainly in BC 74, BC 89, BC 78 and BC 42 families that showed losses in plant emergency of up to 30%. After water reestablishment, the remaining lines recovery the phenological growth.

The estimates of variance components and genetic parameters predicted for traits of peanut families are showed in Table 1. We found that σ_{2f} was inflated by the predominance of σ_{2e} to all traits, mainly NPP. This is a natural consequence of the high variability within each family that came from BR 1-backcrossing. As the backcross aims to resume the profile of the recurrent cultivar, keeping the interesting alleles of the donor, this result is promising because it indicates the possibility of success for traits associated to drought tolerance, since the low variability of phenotypic traits does not affect the selection of top genotypes.

Table 1. Components of variance (REML estimates) and estimates of genetic parameters to eight agronomic traits obtained from peanut amphidiploid families.

Parameter	FPM (dae)	B (dae)	MSH (cm)	NPP	PL (cm)	NSP	100SW (g)	100PW (g)
σ_{2g}	3.66	1.88	21.71	0.56	5.08	0.11	14.56	33.60
σ_{2e}	12.24	4.14	22.96	24.34	18.33	0.23	57.60	139.87
σ_{2f}	15.90	6.02	44.68	24.91	23.42	0.34	72.17	173.48
\hat{h}_{2g}	0.23	0.31	0.48	0.02	0.21	0.32	0.20	0.19
\hat{h}_{2ml}	0.74	0.81	0.90	0.18	0.73	0.83	0.71	0.70
CV_{gi} (%)	2.04	5.57	24.56	5.40	6.79	17.09	9.84	6.50
CV_e (%)	3.72	8.26	25.26	35.43	12.90	24.36	19.56	13.27
AC	0.86	0.90	0.95	0.43	0.85	0.91	0.84	0.84
SEP	0.95	0.58	1.44	0.67	1.16	0.13	2.03	3.14
Mean	88.33	24.23	28.97	14.92	33.18	2.96	41.78	92.10
BR 1 Mean	89.00	26	32.55	14.75	31.89	3.00	42.69	95.09
Senegal Mean	85.00	25	27.90	14.63	26.88	2.00	35.55	75.64

σ_{2g} : genotypic variance; σ_{2e} : residual variance; σ_{2f} : individual phenotypic variance; \hat{h}_{2g} : individual broad-sense heritability of total genotypic effects; \hat{h}_{2ml} : adjusted heritability in average of genotypes; CV_{gi} (%): genotypic coefficient of variation; CV_e (%): residual coefficient of variation; AC: accuracy of genotype selection; SEP: standard deviation of predicted genotypic value; Full pod maturation (FPM), Blooming (B), Main stem height (MSH), Number of pods/plant (NPP), Pod length (PL), Number of seed/pod (NSP), 100 seeds weight (100SW) and 100 pods weight (100PW); dae- days after emergence

The low values of σ_{2g} , which considers variability among lines, contributed to reduce \hat{h}_{2g} , that varied from 0.02 to 0.48 to NPP and MSH, respectively, although to the most traits the \hat{h}_{2g} values were moderate, indicating that the selection practiced in early generations was not efficient. It has been previously reported that the heritability of production traits in peanut is often low to moderate, in individual plants (Mothilal et al. 2005; Luz et al. 2010). According to Luz et al. (2010), high values of heritability may be found in advanced generations due to upper percentage of homozygous loci and expressive additive variance.

As to \hat{h}_{2ml} , which indicates the mean of family's heritability, the values were high for most traits (> 70,6%), meaning possibility of gains with the selection of families, excepting to NVP, whose value was less than 20%. Luz et al. (2010) adopted the BLUP method to select peanut progenies and although they found low heritability values for some traits, they report that the values did not interfere in the selection of families containing top lines.

The CV_{gi} (%), that means the percentage of genetic variation in relation to the mean, varied from low to moderate, indicating the possibility of genetic progress in further selection cycles. Expressive values were found to MSH (24.56%), NSP (17.09%) and 100SW (9.84%). Although these results had come from a backcrossed- F_3 segregating, we expected that the proportion of homozygote loci had in a satisfactory level, due to predominance of additive gene, that increase the chances to found top lines in further generations.

Low values of genotypic prediction are common in segregating populations (Pinto et al. 2013; Ramos et al. 2014), however there is a progression of these values as the additive variance increases due to increased loci in homozygotes. Thus, the higher the homozygosity, the greater the homogeneity of the traits within the families, resulting in better estimates of environmental variance. In such cases, the interpretation of progeny based on selection accuracy (AC) becomes more advantageous. AC refers to a linear correlation between predicted and true genotypic values. The correlation will be higher as the absolute deviation between these values be lower (Resende 2002; Olivoto et al. 2017). Here we found high SA to most traits, indicating satisfactory chances for selection of the best progenies.

Based on BLUP method to select the families, we found the best three, considering the ascending order of classification (Table 2). The lines of the families BC 79, BC 87 and BC 51 added seven, five and four of the eight agronomical traits, respectively. All of them were earliness showing reduction of, at least, one day to start blooming and mature the pod setting, based on mean of each original population (Table 1). It is worth noting that these three families

finished the cycle in only 86 days, and therefore were more earliness than BR 1, an 89 days-short cycle (Santos et al. 2010; Ramos et al. 2015). This result denotes high level of genetic complementarity and that the most lines of these families inherited favorable alleles in more than one loci, resulting in increased quantitative means.

Table 2. General means plus genetic value (u + g), and new mean (NM) of the three best families, based on eight agronomic traits obtained from BC₁F₃ peanut families.

Order	Family	FPM		Family	B		Family	MSH		Family	NPP	
		u + g	NM		u + g	NM		u + g	NM		u + g	NM
1°	BC 79	86.51	86.51	BC 74	23.50	23.50	BC 79	29.64	29.64	BC 79	15.90	15.90
2°	BC 51	87.56	87.03	BC 87	23.52	23.51	BC 82	28.82	29.23	BC 51	15.14	15.52
3°	BC 87	87.72	87.26	BC 51	23.92	23.64	BC 51	28.74	29.06	BC 53	14.93	15.32
Order	Family	PL		Family	NSP		Family	100SW		Family	100PW	
		u + g	NM		u + g	NM		u + g	NM		u + g	NM
1°	BC 53	35.09	35.09	BC 53	3.44	3.44	BC 79	42.36	42.26	BC 48	94.57	94.57
2°	BC 87	34.59	34.84	BC 79	3.25	3.34	BC 62	39.99	41.13	BC 79	93.39	93.98
3°	BC 79	34.43	34.70	BC 87	3.11	3.27	BC 78	39.98	40.74	BC 87	92.35	93.43

Full pod maturation (FPM), Blooming (B), Main stem height (MSH), Number of pods/plant (NPP), Pod length (PL), Number of seed/pod (NSP), 100 seeds weight (100SW) and 100 pods weight (100PW). NM- Value based on mean of each selected family

There is subsidy in the literature to attest that part of the earliness inherited by peanut lines came from *A. duranensis*, a diploid native from low rainfall regions of Bolivia and Argentina (Krapovickas and Gregory, 2007), which was chosen in amphidiploid composition. Azevedo Neto et al (2009) tested the physiological and biochemical responses of earliness *Arachis* accessions submitted to severe water stress, and found that *A. duranensis* accessions had adequate transpiration adjustment in order to cope with lack of water. In previous work carried out on this species, Leal-Bertioli et al. (2012) reported a conservative transpiration profile of *A. duranensis* under limited water availability. The authors have recommended the adoption of this germplasm in prospective studies of drought tolerant genes.

The full pod maturation (FPM) is a relevant trait to selection of leguminous plants, because it estimates the time required to start the harvest. The lower the maturation period, the greater the plant earliness. However, the breeder should exercise caution in selection pressure for FPM because it may influence negatively on total load of fruits, taking in account the reduced period to mature them. According to Jogloy et al. (2011), extremely early maturity is

not desirable because it is generally associated with yield reduction. In peanut, whose fruits grow underground and the flowering is continuous, the control of maturation should be done via sampling, from 80-85 days to earliness genotypes and 115-120 days to late ones, since several accessions do not reveal senescence (Luz et al. 2010; Ramos et al. 2015; Santos et al. 2010).

Earliness is also identified through flowering starting (blooming), that occurs faster in semiarid (Santos et al., 2010). This criterion has been widely adopted by several peanut breeders (Swamy et al. 2003; Santos et al. 2010; Kaba et al. 2014). Some cytoplasmic effects may be found in segregants if upright genotypes are used as maternal parent. Kaba et al. (2014) found positive correlation in B x FPM, using upright and Runner genotypes, indicating that blooming is a reliable criterion of earliness selection.

Based on the results found here, we consider that REML/BLUP method was useful for selection of amphidiploid peanut families tolerant to drought. However, as this method is based on selection focused on each trait, unidirectional gains can happen. In such situation, when these gains are added to occurrence of negative correlations between traits can result in indirect losses in important traits. To avoid such bias, it is important to balance the weight of each trait in order to ensure effective response in selection procedures. The use of other contributive methodologies to assist the selection has also been adopted by breeders, such as selection index, that in general, ponder the genotypic values of each individual through a linear function. The classification of genotypes is obtained in descending order of importance of the traits, increasing the chance of identify favorable allele combination (Pinto et al., 2013).

Here, we adopted the Sum of Ranks Index (SRI), which allowed the selection of three families, BC 87, BC 79 and BC 51, with gains of 0.85%, 2.7% and 2.7% to NPP, PL and NSP, respectively (Table 3), corroborating with the results obtained to BLUP (Table 2). In soybean (*Glycine max* L.), Bárbaro et al. (2007) adopted different selection methods in F₅-populations and also found promising gains to agronomical traits using SRI method for production traits. As to authors, SRI was only inferior to Direct and Indirect Selection of families, whose method is similar to BLUP, that is based on selection per trait. The same authors point out that although Direct and Indirect Selection provide higher gains per trait, SRI provide more distributed gains, without impairing the main trait.

Table 3. Expected gain from selection of BC 79, BC 87 e BC 51 peanut families based on 8 agronomical traits.

Trait	Xo	Xs	h ² (%)	GS	GS
FPM	88.83	87.56	74.9	-0.95	-1.07
B	24.63	23.65	81.9	-0.8	-3.24
MSH	28.97	28.96	90.4	-0.82	-2.83
NPP	14.92	14.91	18.8	0.12	0.8
PL	33.18	34.4	73.4	0.9	2.7
NSP	2.96	3.09	83.1	0.11	3.71
100SW	41.78	40.66	71.6	-0.8	-1.91
100PW	92.1	89.04	70.6	-2.16	-2.34

Xo: Mean of original population; Xs= Mean of bred population; h² (%): heritability (broad sense); GS: Gain of selection; FPM- Full pod maturation, B- Blooming, MSH- Main stem height, NPP- Number of pods/plan), PL- Pod length, NSP- Number of seed/pod, 100SW- 100 seeds weight, 100PW- 100 pods weight.

Negative gains were found to FPM, B, MSH, 100SW and 100PW, indicating reduction of population means on selection of genotypes. To FPM and B, these results were expected, since the selection of families was based on earliness; to MSH, the reduction was less than 1 cm, considered little expressive for plant canopy. As to 100SW and M100PW, we found reduction near to 2%, considered insignificant since the mean of families does not vary much of BR 1 (recurrent parent in backcrossing; Table 1). In soybean, Leite et al. (2016), worked with four different Selection Indexes in F₈ lines and obtained better gains for SRI, although the authors also found reduced gain for grain yield.

Based on the results found here, we consider that the methods adopted were contributive to select promising families for peanut breeding, demonstrating the contribution of amphidiploids in the introgression of alleles for tolerance to drought. However, taking in account the variability within families, the selection procedures in advanced generations, based on individuals, may increase the chances of identifying promising materials with higher percentage of desirable homozygous loci.

Conclusion

Three peanut families derived from a synthetic amphidiploid were identified through selection methods, based on the REML/BLUP models and SRI. Taking in account the earliness inherited from parent BR 1 and the adaptation to semiarid environment, inherited from *A. duranensis*, the progress of these materials could be a relevant investment to dry environment, considering the reduction in management costs and dependence on water availability.

Acknowledgements

To Embrapa-Cenargen, who kindly provided the amphidiploid germplasm; to CAPES (Coordination for the Improvement of Higher Level Personnel), for student grants.

References

- Assunção HF, Escobedo JF. (2009) Estimativa da exigência hídrica do amendoim usando um modelo agrometeorológico. Irriga, <https://doi.org/10.15809/irriga.2009v14n3p325-335>
- Azevedo Neto AD, Nogueira RJMC, Melo Filho, PA, Santos, RC. (2010) Physiological and biochemical responses of peanut genotypes to water deficit. J Plant Interact. <https://doi.org/10.1080/17429140902999243>
- Bárbaro IM, Centurion MAPC, Mauro AO, Unêda-Trevisoli SH, Costa MM. (2007) Comparação de estratégia de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. Rev Ceres. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=305226813014>
- Cruz CD. (2013) GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Sci Agron. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.
- Fávero AP, Simpson CE, Valls JFM, Vello NA. (2006) Study of the evolution of cultivated peanut through cross-ability studies among *Arachis ipaensis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. Crop Sci. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.09-0331>
- Faye I, Hodo-Abalo T, Ndoye O, Fonceka D. (2016) Dossier technique d'homologation de nouvelles variétés d'arachide. In: ISRA (ed), Senegal, 34p.
- Fávero AP, Santos RF, Simpson CE, Valls JFM, Vello NA. (2015) Successful crosses between fungal-resistant wild species of *Arachis* (section *Arachis*) and *Arachis hypogaea*. Genet Mol Biol. <https://doi.org/10.1590/S1415-47573832014037>

Gomes LR, Santos RC, Anunciação Filho CJ, Melo Filho PA. (2007) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de amendoim de porte ereto. *Pesq Agropec Bras.* <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000700010>.

Holbrook CC, Timper P, Culbreath AK, Kvien CK. (2008) Registration of ‘Tifguard’ peanut. *J Plant Regist.* <https://doi.org/10.3198/jpr2007.12.0662crc>

Jogloy C, Jaisil, P, Akkasaeng C, Kesmala T, Jogloy S. (2011) Heritability and Correlation for Maturity and Pod Yield in Peanut. *J Appl Sci Res.* 7(2):134-140.

Kaba JS, Kumaga FK, Ofori K. (2014) Effect of flower production and time of flowering on pod yield of peanut (*Arachis hypogaea* L) genotypes. *IOSR-JAVS.* <https://doi.org/10.9790/2380-07434449>

Krapovickas A, Gregory WC. (2007) Taxonomy of the genus *Arachis* (Leguminosae). *Bonplandia*, 16:1-205. <https://www.jstor.org/stable/41941433>

Leal-Bertioli SCM, Bertioli DJ, Guimaraes PM, Pereira TD, Galhardo I, Silva JP, Brasileiro ACM, Oliveira RS, Silva PIT, Vadeze V, Araujo ACG. (2012) The effect of tetraploidization of wild *Arachis* on leaf morphology and other drought-related traits. *Environ Exper Bot.* <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2012.04.005>

Leal-Bertioli SCM, Moretzsohn MC, Santos SP, Brasileiro ACM, Guimarães PM, Bertioli DJ, Araujo ACG. (2017) Phenotypic effects of allotetraploidization of wild *Arachis* and their implications for peanut domestication. *Am J Bot.* <https://doi.org/10.3732/ajb.1600402>

Leal-Bertioli SCM, Santos SP, Dantas KM, Inglis PW, Nielen S, Araújo ACG, Silva JP, Cavalcante U, Guimarães PM, Brasileiro ACM, Carrasquilla-Garcia N, Penmetsa RV, Cook D, Moretzsohn MC, Bertioli DJ. (2015) *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. *Ann Bot.* <https://doi.org/10.1093/aob/mcu237>

Leite WS, Pavan BE, Matos Filho CHA, Alcantara Neto F, Oliveira CB, Feitosa FS. (2016) Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F₈ de soja. *Comun Sci.* <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

Luz LN, Santos RC, Silva Filho JL, Melo Filho PA. (2010). Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de amendoim baseadas em descritores associados ao ginóforo. *Rev Ciênc Agron* 41:132-138.

Mothilal M, Muralidharana V, Manivannan N. (2005). Intergeneration correlation, regression and heritability estimates between F₂-F₃ generations of groundnut (*Arachis hypogaea* L). Ann Arid Zone 44:205-207.

Mulamba NN, Mock JJ. (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. Egypt J Genet Cytol 7:40-51.

Nautiyal PC, Nageswara-Rao RC, Joshi YC. (2002) Moisture-deficit-induced change in leaf water content, leaf carbon exchange rate and biomass production in groundnut cultivars differing in specific leaf area. Field Crops Res. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(01\)00199-X](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(01)00199-X)

Olivoto T, Nardino M, Carvalho IR, Follmann DN, Ferrari M, Szarecki VJ, Pelegrin AJ, De Souza VQ. (2017) REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. Genet Mol Res. <https://doi.org/10.4238/gmr16019525>.

Painawadee M, Jogloy S, Kesmala T, Akkasaeng C, Patanothai A. (2009) Identification of traits related to drought resistance in peanut (*Arachis hypogaea* L.). Asian J Plant Sci. <https://doi.org/10.3923/ajps.2009.120.128>

Pereira JW, Albuquerque MB, Melo Filho PA, Nogueira RJMC, Lima LM, Santos RC. (2016) Assessment of drought tolerance of peanut cultivars based on physiological and yield traits in a semiarid environment. Agric Water Manag. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2015.12.010>

Pinto FO, Luz LN, Pereira MG, Cardoso DL, Ramos HCC. (2013) Metodologia de modelos mistos para a seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. Rev Bras Ciênc Agrár. <https://doi.org/10.5039/agraria.v8i2a2409>

Ramos HCC, Pereira MG, Viana AP, Da Luz LN, Cardoso DL, Ferregueti GA. (2014) Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. Am J Plant Sci. <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.520314>

Ramos JPC, Luz LN, Cavalcanti JJV, Lima LM, Freire RM, Melo Filho PA, Santos RC. (2015). Clustering fastigiata peanut accessions for selection of early-mature types suitable for the food market. Aust J Crop Sci 9:1089-1094.

Resende MDV. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 975p.

Resende MDV. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. Crop Breed Appl Biotechnol. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

Santos RC, Rêgo MG, Silva APG, Vasconcelos JOL, Coutinho JLB, Melo Filho PA. (2010) Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. *Rev Bras Eng Agríc Ambient*. <https://doi.org/10.1590/S1415-43662010000600004>

Simpson CE. (2001) Use of Wild *Arachis* Species/Introgression of Genes into *A. hypogaea* L. *Pean Sci*. <https://doi.org/10.3146/i0095-3679-28-2-12>

Simpson CE, Starr JL. (2001) Registration of 'Coan' peanut. *Crop Sci*. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413918x>

Simpson CE, Starr JL, Church GT, Burrow MD, Paterson HA. (2003) Registration of NemaTAM peanut. *Crop Sci*. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1561>

USDA. United States Department of Agriculture. (2018) Word Agricultural Production. Foreign Agricultural Service. March 2018. <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Accessed 13 de March de 2018.

Swamy BPM, Upadhyaya HD, Goudar PVK, Kullaiswamy BY, Singh S. (2003) Phenotypic variation for agronomic characteristics in a groundnut core collection for Asia. *Field Crops Res*. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(03\)00102-3](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00102-3)

Valls JFM, Simpson CE. (2005). New species of *Arachis* (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. *Bonplandia* 14:35-64.

Valls JFM, Costa LC, Custodio AL. (2013). A novel trifoliolate species of *arachis* (*fabaceae*) and further comments on the taxonomic section *trierectoides*. *Bonplandia* 22:91-97. Retrieved from <http://www.jstor.org/stable/43575384>

CAPÍTULO II

Índices de seleção e pesos econômicos aplicados ao melhoramento genético de amendoim tipo runner

Índices de seleção e pesos econômicos aplicados ao melhoramento genético de amendoim tipo runner

Jean Pierre Cordeiro Ramos⁽¹⁾, Wellison Filgueiras Dutra⁽¹⁾, Carliane Rebeca Coelho da Silva⁽²⁾, José Jaime Vasconcelos Cavalcanti⁽³⁾, Roseane Cavalcanti dos Santos⁽³⁾

⁽¹⁾Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal da Paraíba, Rodovia PB 079, km 12, CEP 58397-000, Areia-PB, Brasil, jean.jp31@gmail.com, ORCID: 0000-0003-3112-3903, wellison_eu@hotmail.com, ORCID: 0000-0002-0378-8046. ⁽²⁾Pós-Doc - RENORBIO/UFRPE, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 52171-900, Recife-PE, Brasil, carliane.rebeca@gmail.com, ORCID: 0000-0002-9462-5823 ⁽³⁾Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Algodão, Rua Oswaldo Cruz, nº 1143, Centenário, CEP 58428-095, Campina Grande-PB, Brasil, jaime.cavalcanti@embrapa.br, roseane.santos@embrapa.br.

Resumo

A seleção de genótipos superiores via índice de seleção tem como pressuposto a interpretação simultânea de múltiplos caracteres envolvidos nos programas de melhoramento, de forma ponderada pelos seus respectivos pesos econômicos. Neste trabalho adotou-se uma população de amendoim do tipo runner com fins de estimar combinações entre índices de seleção e pesos econômicos, de modo a fornecer ganhos genéticos superiores e equilibrados para os caracteres avaliados. Onze genótipos do tipo runner foram avaliados em relação a nove características agrônomicas. Os índices utilizados foram: o índice clássico de Smith e Hazel (SH), índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (PB), índice base de Williams (W), índice livre de pesos e parâmetros de Elston (E), índice multiplicativo de Subandi et al. (S), índice com base na distância em relação ao ideótipo de Cruz (GI) e o índice baseado em Soma de Ranks de Mulamba e Mock (MM). Os pesos econômicos foram: levando em conta os caracteres principais (CP), peso 1 (P1) para todos os caracteres, coeficiente de variação genética (CVg), desvio padrão genético (DPg) e o coeficiente “B” obtido via regressão multivariada. Foi constatado efeito significativo dos genótipos para todos os caracteres avaliados ($p < 0,01$), indicando que existe variabilidade genética entre os materiais estudados. A herdabilidade mostrou valores elevados para a maioria dos caracteres (acima de 90%), indicando progresso genético com ciclos de seleção. As combinações SH-CP, SH-P1, SH-DPg, W-P1 e W-PDg, seguida de MM-CP, MM-CVg, MM-DPg, GI-CP, GI-P1, GI-CVg, GI-DPg e E, indicaram ganhos superiores para os caracteres relacionados a produção, porém com valores insatisfatórios para início de floração e maturação completa de vagens. De forma geral, o índice de Mulamba e Mock quando aplicado com o peso 1 para todos os caracteres foi o mais promissor, por ser capaz de equilibrar os ganhos próximos aos limites máximos obtidos via seleção direta, tanto para caracteres relacionados a produção quanto a precocidade.

Palavras-chave: Ganho genético, variabilidade genética, seleção simultânea de caracteres.

Introdução

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma oleaginosa largamente cultivada no mundo, em uma área de 25,6 milhões de hectares e produção de 41,9 milhões de toneladas. Entre os países produtores China, Índia, Nigéria e Estados Unidos se destacam na produção de amendoim em casca (USDA, 2019).

O Brasil produz aproximadamente 565 mil kg ano⁻¹, a maior parte concentrada na região sudeste do país (CONAB, 2019). Nesta região a produtividade é de 3.880 kg há⁻¹, considerada elevada, a qual se justifica pelo alto nível de tecnológico empregado no manejo, desde a utilização de máquinas ao uso de cultivares altamente produtivas e adaptadas a colheita mecanizada (Heid et al., 2016).

A espécie é subdividida em três grupos botânicos pertencentes a duas subespécies, de acordo com a morfologia, sendo eles: Virgínia da subespécie *hypogaea*, Valencia e Spanish ambas da subespécie *fastigiata* (Valls, 2005). O grupo Virgínia (tipo runner) é um dos mais cultivados no mundo devido a elevada produtividade. Os genótipos possuem hábito de crescimento prostrado, o que se adequa bem à colheita mecanizada, além de alto teor de óleo nas sementes. O crescente processo de tecnificação tem demandado maior emprego de materiais adaptados à colheita mecanizada e alto potencial produtivo, ampliando as linhas dos programas de melhoramento genético (Santos et al., 2012).

As estimativas dos índices de seleção são ferramentas genéticas que contribuem para o melhoramento de plantas, possibilitando estimar o progresso genético de uma determinada população, tornando possível prever o sucesso nas futuras gerações. Estas estimativas podem ser aplicadas com base em um caráter por vez, proporcionando a obtenção de materiais superiores em relação ao caractere selecionado, mas com rendimento não tão promissor para os outros caracteres (Cruz, 2006).

Assim, uma forma de aumentar as chances de sucesso em um programa de melhoramento é praticar a seleção com base em um conjunto de caracteres de forma simultânea. A teoria de índice de seleção surge com o objetivo de se praticar seleção de forma mais eficiente, por combinar as múltiplas informações contidas nas unidades experimentais, de tal forma que seja possível a seleção com base em um conjunto de variáveis de importância econômica (Cruz et al., 2012).

Existem vários tipos de índices de seleção disponíveis na literatura, podendo ser divididos em paramétrico e não paramétricos. Nos paramétricos, os ganhos genéticos são obtidos por meio da maximização da correlação entre o valor genotípico e o índice,

visando a eficiência máxima da seleção fenotípica, aumentando gradualmente a frequência de alelos favoráveis relacionados às características importantes. Nesse grupo está incluído o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969) e o índice base de Williams (1962). Os não-paramétricos se baseiam em uma classificação mais simplista dos genótipos, incluindo o índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963), o índice multiplicativo de Subandi et al. (1973), o índice com base na distância em relação ao ideótipo de Cruz (2006) e o índice baseado em Soma de Ranks de Mulamba e Mock (1978).

Além dos diferentes métodos, existe ainda a dificuldade de se definir os pesos econômicos que serão atribuídos a cada variável. De acordo com Hazel (1943), o peso econômico relativo a cada característica é dependente da quantidade pela qual o lucro, ou ganho econômico, pode aumentar por unidade de melhoria nesta característica. Baker (1986) enfatiza que os pesos econômicos devem ser estabelecidos respeitando-se a proporcionalidade existente entre os caracteres envolvidos na seleção. Cruz (1990) propõe que os pesos econômicos poderiam ser estabelecidos com base nos próprios dados experimentais, como por exemplo, o coeficiente de variação genético e desvio padrão genético, por manterem a proporcionalidade entre os caracteres avaliados e serem diretamente relacionados à variabilidade genética existente.

Neste trabalho adotou-se uma população de amendoim do tipo runner com fins de estimar combinações entre índices de seleção e pesos econômicos, de modo a fornecer ganhos genéticos superiores e equilibrados para os caracteres avaliados.

Material e Métodos

Os experimentos foram desenvolvidos no ano de 2014, em três ambientes localizados na região Nordeste do Brasil (Tabela 1), em solos de textura argilo-arenosa, com pH previamente corrigidos e fertilizados de acordo com as necessidades da cultura, revelado nos dados da análise de solo. Os ensaios foram realizados no período de seca em Barbalha-CE (fevereiro a agosto), Campina Grande-PB (abril a setembro) e Abreu e Lima-PE (maio a outubro).

Tabela 1. Coordenadas geográficas, clima, solo, médias de temperatura e umidade relativa do ar e precipitação durante o ensaio nos diferentes ambientes.

Ambiente	Coordenadas	Clima	Solo	Temp/ Umid	Precipi- tação
Barbalha/CE	07°18'S; 39°18'W; 415 m	Semiárido	Vertissolo	32/60	520
Campina Grande, PB	07°13'S; 35°53'W; 552 m	Semiárido	Vertissolo	28/68	730
Abreu e Lima, PE	07°54'S; 34°54'W; 19 m	Semiárido	Neossolo	29/66	820

Onze genótipos do tipo runner foram avaliados (Tabela 2). A parcela consistiu de três linhas de 5 m, com espaçamento de 0,8 m entre linhas e 0,3 m entre covas (2 plantas/cova). Os dados foram coletados na linha central descartando-se um metro de cada extremidade, resultando em uma área útil de três metros contendo 20 plantas. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições. O manejo da cultura foi realizado de acordo com as recomendações para o amendoim descritas em Santos et al. (2010). A colheita ocorreu entre 115 e 130 dias para genótipos precoces e tardios, respectivamente.

Tabela 2. Origem, genealogia e algumas características agrônômicas dos genótipos utilizados no estudo.

Genótipo	Origem	Genealogia	Semente		Hábito de crescimento	S/V	Ciclo
			Tamanho	Cor			
BRA 02179201	Brasil, DF	Acesso	Médio	Bege	Prostrado	2	118-120
BRS Pérola Branca	Brasil, PB	Cultivar	Grande	Branco	Prostrado	3-4	110-115
Florunner	EUA	Cultivar	Grande	Bege	Decumbente	2-3	125-130
M.407M424(B)	Brasil, PB	Top line	Grande	Bege	Prostrado	2	115-118
F.M424(B)	Brasil, PB	Top line	Grande	Bege	Prostrado	2-3	115-120
IAC Caiapó	Brasil, SP	Cultivar	Grande	Bege	Decumbente	2	125-130
Porto Alegre	Brasil, PR	Acesso	Médio	Bege	Prostrado	2	118-120
Cavalo	Brasil, AC	Acesso	Extra grande	Bege	Decumbente	2	130-135
LGoPE-06	Brasil, PE	Top line	Extra grande	Bege	Decumbente	2	125-130
BR1xAnonV	Brasil, PE	Top line	Grande	Vermelha	Prostrado	2-3	110-115
LViPE-06	Brasil, PE	Top line	Extra grande	Bege	Decumbente	2-3	125-130

S/V: Número de sementes por vagem

Foram avaliados os seguintes caracteres agrônômicos: índice de colheita (IC), massa de cem vagens (M100V), massa de cem sementes (M100S), número de vagens por planta (V/P), comprimento de vagens (CV), teor de óleo (O), início de floração (IF), maturação completa de vagens (MCV) e comprimento da haste principal (CHP).

A análise de variância (anava) se baseou no seguinte modelo estatístico: $y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_{ij} + \epsilon_{ijk}$, onde: y_{ijk} = fenótipo observado no indivíduo i no ambiente j e na repetição k ; μ = média geral; α_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i=1, 2, \dots, g$); β_j = efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente; γ_{ij} = efeito do i -ésimo ambiente ($j=1, 2, \dots, a$); ϵ_{ijk} = efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente; e ϵ_{ijk} = erro aleatório.

Apesar da existência de cultivares na população de trabalho, todos os efeitos foram considerados como aleatórios, com exceção da média geral, que é sempre fixa, já que o objetivo com o presente estudo é estimar os ganhos de seleção e não contrastar as médias dos genótipos em ensaios de competição.

As matrizes de média fenotípica, variância e covariância fenotípicas e genotípicas foram obtidas a partir do procedimento de anava, as quais foram utilizadas nos procedimentos subsequentes de correlações e seleção de materiais superiores.

A correlação genética foi estimada de acordo com a seguinte expressão: $r_{gxy} = \frac{\hat{\sigma}_{xy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \hat{\sigma}_y^2}}$ onde: $\hat{\sigma}_{xy}$ = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; $\hat{\sigma}_x^2$ e $\hat{\sigma}_y^2$ = estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Para os caracteres IC, M100V, M100S, V/P, CV, O e CHP o sentido de seleção aplicado foi de acréscimo (seleção de maiores valores), e para os caracteres IF e MCV a sentido foi de decréscimo (seleção de menores valores).

Os pesos econômicos utilizados para os diferentes caracteres foram: a) considerando caracteres principais e secundários - os caracteres IC, M100V, M100S e V/P (peso 1), e IF e MCV (peso -1), como principais, e para CV, O e CHP peso 0 por considerá-los secundários; b) peso 1 para todos os caracteres independente de sua importância; c) coeficiente de variação genético de cada característica; d) desvio padrão genético de cada característica; e e) coeficientes β 's de cada característica estimados a partir da análise de regressão multivariada entre a produtividade, utilizada neste estudo apenas como parâmetro estimador do valor econômico dos genótipos como variável dependente, e as demais características como variáveis independentes.

A seleção direta e indireta tem por base a identificação dos genótipos superiores para i -ésima característica, onde o ganho direto é estimado com base na estatística: $\hat{g}_i = \frac{\hat{\sigma}_{xy}}{\hat{\sigma}_x^2} \hat{\sigma}_x$

$(\bar{x}_j - \bar{x}_i) h_{2j} = \Delta x_j$ em que: \bar{x}_i = média dos materiais selecionados para o caráter i; \bar{x}_i = média original da população para o caráter i; h_{2j} = herdabilidade do caráter i. O ganho indireto no caráter j, para seleção direta no caráter i, é estimada por: $\Delta x_j = \Delta x_i h_{2j}$ em que: Δx_j = é o diferencial de seleção indireto para o caráter j, obtido a partir da diferença entre a média da população selecionado e a média da população original para o caráter i.

Para a seleção dos materiais por meio do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), são estimados os índices com base na combinação linear dos diferentes caracteres ponderados pelos respectivos coeficientes b's. Estes coeficientes têm por objetivo maximizar a correlação entre o índice e um agregado genotípico, que é, por sua vez estabelecido por uma outra combinação dos valores genéticos dos caracteres ponderados pelos respectivos pesos econômicos, como descrito a seguir: $I = b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n = \sum_{j=1}^n b_j x_j$ e $H = g_1 x_1 + g_2 x_2 + \dots + g_n x_n = \sum_{j=1}^n g_j x_j$ em que: H= agregado genotípico; I= índice de seleção a ser estimado; g= vetor (1 x n) de valores genéticos dos n caracteres; y= vetor (1 x n) de médias fenotípicas; a'= vetor (n x 1) de pesos econômicos relativos aos diferentes caracteres e estabelecidos pelo melhorista; n= número de características consideradas para estimação do índice; b'= vetor (n x 1) dos coeficientes de ponderação do índice estimado por meio da seguinte estatística: $b' = (G^{-1} P^{-1} G)^{-1} a'$ onde: P= matriz (n x n) de variâncias e covariâncias fenotípicas; G= matriz (n x n) de variâncias e covariância genotípicas.

Na soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), o índice é composto pelo somatório da classificação dos genótipos para as características avaliadas de acordo com a ordem favorável ao melhoramento, como descrito a seguir: $I = w_1 r_1 + w_2 r_2 + \dots + w_n r_n = \sum_{j=1}^n w_j r_j$ onde: w_j = peso econômico atribuído pelo melhorista a j-ésima característica; r_j = classificação (ou rank) do genótipo em relação a j-ésima característica;

O índice base, proposto por Williams (1962), tem por base a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, ponderados diretamente pelos pesos econômicos atribuídos as variáveis avaliadas, da seguinte forma: $I = w_1 x_1 + w_2 x_2 + \dots + w_n x_n = \sum_{j=1}^n w_j x_j$ em que: w_j = peso econômico atribuído pelo melhorista a j-ésima característica; x_j = média da j-ésima característica para determinado indivíduo.

Para o índice proposto por Subandi et al. (1973) objetiva-se obter o produto das médias fenotípicas dos caracteres, considerando o sentido de seleção, de acordo com a

seguinte estatística: $\hat{X}_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_{ij}$ em que: \bar{x}_j = valor da média do j-ésimo caráter; r_{ij} = 1, se for considerada uma relação direta entre o índice e o caráter j; r_{ij} = -1, se for considerada uma relação inversa entre o índice e o caráter j.

Em relação ao índice livre de pesos e parâmetros proposto por Elston (1963), o índice foi estimado pelo produto dos desvios das médias das características em relação a um valor máximo ou mínimo preestabelecido pelo melhorista, de acordo com a seguinte equação: $I_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j) / (x_{ij} - x_{j\min})$ onde: \bar{x}_j = média do genótipo em relação a característica j; $x_{j\min}$ = valor mínimo (ou máximo) preestabelecido pelo melhorista para a característica j. O índice terá valor nulo se os valores de x_{ij} estiverem abaixo do mínimo ou acima do máximo.

No índice baseado nos ganhos desejados, proposto por Pesek e Baker (1969), a construção do índice está relacionada ao conhecimento da expressão dos ganhos esperados (Δg), aqui substituído pelo ganho desejado (Δg_d), da seguinte forma: $I_j = \frac{\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j) \Delta g_d}{\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j) \Delta g}$.

Após a obtenção dos b_j 's, pela equação anterior, os pesos econômicos são estimados por meio da seguinte equação: $\hat{w}_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n b_{ij}$.

No índice baseado na distância do genótipo em relação ao ideótipo, proposto por Cruz (2006), a dispersão gráfica dos genótipos no plano bidimensional é feita com base no valor médio do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima característica (X_{ij}), podendo ser utilizado, também, o valor Y_{ij} que representa o valor fenotípico médio transformado. Tem-se ainda as seguintes pré-suposições: C_j = constante relativa a depreciação da média do genótipo por não se encontrar dentro dos padrões desejados pelo melhorista, dado por: $C_j = \frac{VO_j - LS_j}{LS_j - LI_j}$ onde: LI_j = limite inferior a ser apresentado pelo genótipo em relação a característica j, de acordo com o padrão desejado; LS_j = limite superior a ser apresentado pelo genótipo em relação a característica j; VO_j = valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo em relação a característica j. Assim tem-se que: Se $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$; Se $X_{ij} < LI_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$; Se $X_{ij} > LS_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j - C_j$.

Análise de dissimilaridade foi realizada com o objetivo de estimar grau de concordância entre as classificações estabelecidas na seleção dos onze genótipos para cada combinação índice/Peso econômico. A ordem de seleção, do primeiro ao último indivíduo, foi considerada como categorias e avaliadas em termos de concordância e

discordâncias, como descrito a seguir: $d_{ij} = \frac{D}{C} + \frac{D}{C}$ onde: d_{ij} = dissimilaridade entre a observação i (aqui considerado as combinações de índice/peso econômico como as observações) e j ; D = total de discordâncias entre as classificações dos genótipos; C = total de concordâncias entre as classificações dos genótipos. Quanto menor a dissimilaridade, mais concordantes são as combinações.

A partir da matriz de dissimilaridade obtida, foram utilizados os métodos multivariados de dispersão gráfica em 2D e dendograma via UPGMA para visualização dos resultados.

Os procedimentos estatísticos foram realizados por meio do software Genes Versão 2016.6.0 (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

A partir da análise de variância (Tabela 3), verificou-se efeito significativo para genótipo (G) em todos os caracteres avaliados ($p < 0,01$), indicando que existe variabilidade entre os materiais e que as técnicas de seleção de genótipos podem auxiliar na identificação de materiais genotipicamente superiores. A existência de variabilidade genética é um dos pressupostos iniciais, por estar diretamente relacionado a possibilidade de progresso genético via aumento da frequência de alelos favoráveis (Cruz et al., 2012).

Para a maioria das características não houve diferença significativa para o fator ambiente, indicando que, de forma geral, os ambientes foram representativos das expressar os caracteres.

Quanto a interação G x A, observou-se significância para IC, M100S, V/P, CV, IF e CHP ($p < 0,01$) e M100V ($p < 0,05$), indicando que os genótipos apresentam perfil fenotípico diferenciado em função da mudança de ambiente, podendo alternar a classificação de médias de um ambiente para outro (Tabela 3). Quando considerado os genótipos como efeito fixo, a presença da interação entre genótipos e ambientes, resulta na necessidade de estudos complementares, como por exemplo, adaptabilidade e estabilidade ou a estratificação de ambientes. Por considerar todos os efeitos como aleatórios, a significância para interação G x A não ocasiona problemas de interpretação, já que o objetivo do presente estudo é utilizar a média dos genótipos nos diferentes ambientes, de forma a estimar os ganhos por seleção via índices de seleção, que apresentam por si só natureza aleatória.

O coeficiente de variação ambiental (CV_e) apresentou valores baixos ($\leq 7,65$). O CV_e está relacionado a magnitude da variância residual em relação à média, ou seja, quanto da média, em termos de porcentagem, é de efeito relativo a causas não controladas (aleatórias) (Cruz et al., 2012). Logo, o CV_e é um indicativo de precisão experimental, por estimar a influência de fatores não controlados nas estimativas dos valores fenotípicos, onde, quanto maior o CV_e maior será a incerteza de que as médias fenotípicas estão relacionadas às fontes de variação avaliadas.

Em termos de variância genotípica (σ_{2g}), de forma geral, os valores obtidos foram elevados quando comparados às variâncias da interação G x A (σ_{2gxe}) e residual (σ_{2e}), indicando predominância do fator genético em detrimento dos fatores ambientais. Este fato corrobora com as altas estimativas de herdabilidade encontradas (acima de 85%), indicando a possibilidade de progresso genético significativo com o processo de seleção (Tabela 3).

Os valores de coeficiente de variação genético (CV_g) encontrados apresentaram valores de baixo (2,88 para O) a alto (33,26 para CHP), sendo um indicativo de satisfatória variação em termos percentuais em relação à média. Esses resultados contribuíram para valores da relação CV_g/CV_e acima da unidade, sendo indicativo de população favorável ao melhoramento genético, pelo fato de a variação genética superar a variação ambiental (Vencovsky, 1978). Rathod e Toprope (2018), investigando os parâmetros de variabilidade e correlação entre caracteres de 18 genótipos de amendoim da variedade Spanish, também encontraram CV_g de baixo a moderado para V/P (13,15%), MCV (3,85%) e O (0,8%), indicando que existe uma tendência de valores de CV_g variáveis entre caracteres de natureza quantitativa.

Tabela 3: Análise de variância e parâmetros genéticos das nove características avaliadas em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.

FV	GL	QM								
		IC	M100V	M100S	V/P	CV	O	IF	MCV	CHP
B/A	6	3,55	70,46	4,57	10,22	0,36	0,99	0,27	6,86	0,63
G	10	208,28**	1400,4**	527,09**	838,28**	109,93**	19,36**	57,68**	673,48**	439,01**
A	2	602,71**	38,33	34,48	440,12**	6,71	2,03**	4,31	12,74	18,44
G x A	20	27,74**	25,4*	11,59**	21,86**	3,21**	0,76	2,99**	4,6	7,82**
Resíduo	60	2,8	13,79	4,47	4,34	0,75	0,83	0,89	5,79	2,53
Média		45,66	98,67	60,86	34,20	30,21	49,97	35,35	122,99	20,81
CVe (%)		3,67	3,76	3,47	6,09	2,88	1,83	2,68	1,96	7,65
Parâmetros genéticos										
σ^2_g		20,06	152,78	57,28	90,71	11,86	2,07	6,08	74,32	47,91
σ^2_{gxe}		8,31	3,87	2,37	5,84	0,81	-0,02	0,69	-0,39	1,76
h^2 (%)		86,68	98,19	97,8	97,39	97,08	96,06	94,82	99,32	98,22
CV_g (%)		9,81	12,53	12,43	27,85	11,4	2,88	6,97	7,01	33,26
CV_g/CV_e		2,68	3,33	3,5	4,57	3,96	1,57	2,61	3,58	4,35

** ,*: significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de F. B/A: bloco/ambiente; G: genótipo; A: ambiente; G x A: genótipo X ambiente; CVe (%): coeficiente de variação ambiental ou residual; σ^2_g : variância genotípica; σ^2_{gxe} : variância atribuída a interação genótipo por ambiente; h^2 (%): Herdabilidade (média); CV_g (%): coeficiente de variação genético (%); CV_g/CV_e : razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual; IC: índice de colheita; M100V: massa de cem vagens; M100S: massa de cem sementes; V/P: número de vagens por planta; CV: comprimento de vagens; O: teor de óleo; IF: início de floração; MCV: maturação completa de vagens; CHP comprimento da haste principal.

A partir da análise de correlações entre as características avaliadas (Tabela 4), pode-se observar altas correlações genéticas positivas e significativas para a maioria dos caracteres de produção, como por exemplo, entre IC e M100V, M100S e O; CV e M100V, V/P, M100S e O, indicando respostas correlacionadas para seleção de materiais com perfil produtivo bastante definido, já que cinco das seis características relacionadas a produção apresentam relação direta ou indireta, influenciando no processo seletivo. Para o caráter V/P, com exceção de sua relação com CV ($p < 0,05$) na correlação genotípica, não se observa correlação significativa com os demais caracteres. Resultado semelhante foi encontrado por Rathod e Toprope (2018), em relação a falta de correlação entre V/P x IC e V/P x O, e presença de correlação entre IC x O e IC e MCV.

Para IF e MCV, correlações positivas e significativas foram observadas com a maioria dos caracteres estudados, sinalizando possíveis dificuldades de se indicar materiais que apresentem perfil produtivo promissor, porém com elevada precocidade (IF e MCV baixos).

Tabela 4: Correlações genéticas entre as nove características avaliadas em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.

	M100V	M100S	V/P	CV	O	IF	MCV	AHP
IC	0,79 ⁺⁺	0,88 ⁺⁺	0,34	0,54	0,64 ⁺	0,99 ⁺⁺	0,69 ⁺	-0,61 ⁺
M100V		0,92 ⁺⁺	0,36	0,70 ⁺⁺	0,81 ⁺⁺	0,84 ⁺⁺	0,71 ⁺	-0,59 ⁺
M100S			0,52	0,83 ⁺⁺	0,71 ⁺	0,86 ⁺⁺	0,66 ⁺	-0,46
V/P				0,57 ⁺	0,50	0,13	-0,16	0,18
CV					0,59 ⁺	0,58 ⁺	0,34	-0,11
O						0,63 ⁺	0,52 ⁺	-0,52
IF							0,82 ⁺⁺	-0,62 ⁺
MCV								-0,59 ⁺

++, +: Significativo a 1 e 5% - respectivamente - pelo método de bootstrap com 5000 simulações. IC: índice de colheita; M100V: massa de cem vagens; M100S: massa de cem sementes; V/P: número de vagens por planta; CV: comprimento de vagens; O: teor de óleo; IF: início de floração; MCV: maturação completa de vagens; CHP: comprimento da haste principal.

A seleção direta e indireta de caracteres representa o ganho máximo possível para o caráter selecionado, assim como os ganhos indiretos dos demais caracteres (Tabela 5). A seleção se baseou num crivo de aproximadamente 35%, onde foram escolhidos 4 genótipos dentre os 11 avaliados. Para o IC, M100V e O, os ganhos foram os mesmos para todos os caracteres por indicar os mesmos quatro genótipos. Esse resultado está relacionado a existência de materiais com alto perfil produtivo dentre os genótipos avaliados, o que acrescido a altas estimativas de correlações positivas obtidas entre esses caracteres (Tabela 4) resulta na recomendação dos mesmos materiais como os mais promissores.

A seleção via característica V/P resultou em ganho direto de 31,1%, mostrando-se promissora em aumentar a produção de vagens de forma geral, porém, indicou ganhos reduzidos para outros caracteres relativos ao potencial produtivo como IC, M100V e M100S. Ainda para seleção direta em V/P, ganhos promissores foram obtidos para IF e MCV, de 0,62% e -2,71%, respectivamente. Esse perfil de resultado pode estar relacionado a falta de correlação existente entre este caráter e os demais.

Para IF e MCV, como a seleção se procedeu em sentido contrário, com a triagem de indivíduos que apresentem os menores valores fenotípicos, resultando em ganhos negativos para esses caracteres, o que significa aumento na precocidade dos materiais, porém com ganhos indiretos também negativos. Esse fato está relacionado as altas estimativas de correlação no sentido positivo entre estas e demais características (Tabela 5). Fato semelhante ocorreu com CHP, porém devido a existência de correlações negativas entre esta característica e as restantes.

Tabela 5: Estimativas de ganhos (%) pela seleção direta e indireta de caracteres avaliados em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.

	IC	M100V	M100S	V/P	CV	O	IF	MCV	CHP
IC	9,46	13,59	12,52	12,04	9,26	2,73	7,02	4,52	-24,65
M100V	9,46	13,59	12,52	12,04	9,26	2,73	7,02	4,52	-24,65
M100S	7,61	12,04	12,78	11,33	9,41	2,35	6,8	6,74	-23,16
V/P	2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86
CV	2,34	11,7	9,09	13,78	9,47	2,57	3,07	2,72	-17,73
O	9,46	13,59	12,52	12,04	9,26	2,73	7,02	4,52	-24,65
IF	-6,47	-7,35	-8,43	7,3	-8,03	-0,74	-6,54	-5,51	15,02
MCV	-8,26	-8,47	-9,12	6,19	-3,74	-1,28	-6,09	-6,25	34,71
CHP	-8,26	-8,47	-9,12	6,19	-3,74	-1,28	-6,09	-6,25	34,71

IC: índice de colheita; M100V: massa de cem vagens; M100S: massa de cem sementes; V/P: número de vagens por planta; CV: comprimento de vagens; O: teor de óleo; IF: início de floração; MCV: maturação completa de vagens; CHP: comprimento da haste principal.

A seleção simultânea de caracteres foi realizada a partir dos sete índices de seleção combinados com os diferentes pesos econômicos atribuídos aos respectivos caracteres avaliados, sendo estimados os ganhos para as 27 combinações resultantes (Tabela 6). Semelhante ao que aconteceu na seleção direta de caracteres, blocos de acessos foram indicados como os mais promissores para mais de uma combinação (índice *versus* peso). Dentre as principais concordâncias cita-se SH-CP, SH-P1, SH-DPg, W-P1 e W-PDg. Essas combinações indicaram os mesmos genótipos, que resultou em ganhos iguais para os caracteres avaliados e próximos aos ganhos máximos via seleção direta para os caracteres IC, M100V, M100S, V/P e O. Esse resultado é um indicativo de que essas combinações apresentaram maior tendência a selecionar genótipos com perfil produtivo elevado em detrimento de caracteres relacionados a

precocidade, já que os ganhos em IF e MCV, (4,79% e 2,57%, respectivamente) foram insatisfatórios por aumentarem as médias fenotípicas. Apesar de valores altos de DPg para caracteres como MCV, V/P e CHP, os métodos de SH e W não foram capazes de equilibrar os ganhos genéticos, o que resultou na seleção de materiais com os mesmos princípios quando atribuído peso um para todos os caracteres.

As combinações MM-CP, MM-CVg, MM-DPg, GI-CP, GI-P1, GI-CVg, GI-DPg e E, apesar de indicarem outros materiais como superiores, quando comparadas às combinações anteriores, também foram concordantes na seleção dos genótipos levando às mesmas estimativas de ganhos entre si. Esse bloco de combinações mostrou-se mais promissor que o anterior por indicar aumento na precocidade com a redução de MCV em quase um dia, além de manter os ganhos a níveis satisfatórios para as demais características.

Destaca-se, ainda, as combinações SH-CVg, SH-B, W- CVg, W-B e S, que apesar de serem capazes de aumentar os ganhos para V/P ao máximo e reduzir MCV em 2,71% não foram capazes de manter os ganhos para a maioria dos caracteres selecionados. Essas combinações resultaram na seleção dos mesmos genótipos indicados via seleção direta em V/P, podendo estar relacionado ao fato desta característica ter relação direta com a produtividade, a qual foi estimada como parâmetro econômico, para se estabelecer os coeficientes B na análise de regressão multivariada, explicando a representação de pesos b 's para duas das quatro combinações.

Para o índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969), os ganhos obtidos foram insatisfatórios para a maioria dos caracteres, mostrando-se incapaz de selecionar materiais com bom desempenho que proporcionariam aumento de alelos favoráveis.

O índice de Mulamba e Mock quando aplicado aos pesos b 's, assim como para o peso um em todos os caracteres, foram os mais promissores por equilibrar os ganhos próximos aos limites máximos obtidos via seleção direta para a maioria dos caracteres, com exceção de IC que apresentou ganhos reduzidos (-0,4%) porém praticamente insignificante, além de proporcionar redução no IF e MCV.

Por se tratar de um método não paramétrico, que visa a seleção de genótipos superiores via classificação (ou ranqueamento) de médias em ordem decrescente de importância para o melhoramento, não sendo, originalmente, proposto a intervenção de pesos ponderando esses ranks, o que leva a crer que este método em sua forma original seria a opção mais promissora para se praticar a seleção de materiais superiores. O que acrescido a relativa dificuldade de se

estabelecer os coeficientes b's via análise de regressão multivariada, torna a afirmação anterior acertiva.

Tabela 6: Estimativas de ganhos (%) pela seleção de 4 genótipos para as combinações dos índices de seleção e pesos econômicos em genótipos de amendoim tipo Runner nos municípios de Barbalha-CE, Campina Grande-PB e Abreu e Lima-PE, no ano de 2014.

Índice	Peso Econ.	IC	M100V	M100S	V/P	CV	O	IF	MCV	CHP
SH	CP	6,19	12,03	12,11	23,43	9	1,66	4,79	2,57	-9,1
SH	P1	6,19	12,03	12,11	23,43	9	1,66	4,79	2,57	-9,1
SH	CVg	2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86
SH	DPg	6,19	12,03	12,11	23,43	9	1,66	4,79	2,57	-9,1
SH	B	2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86
W	CP	7,61	12,04	12,78	11,33	9,41	2,35	6,8	6,74	-23,16
W	P1	6,19	12,03	12,11	23,43	9	1,66	4,79	2,57	-9,1
W	CVg	2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86
W	DPg	6,19	12,03	12,11	23,43	9	1,66	4,79	2,57	-9,1
W	B	2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86
PB	CP	4,24	9,17	7,4	5,48	7,41	1,23	5,09	2,81	-15,08
PB	P1	0,92	-0,62	0,06	13,15	3,65	0,49	0,91	-2,46	2,87
PB	CVg	0,92	-0,62	0,06	13,15	3,65	0,49	0,91	-2,46	2,87
PB	DPg	1,13	2,34	-0,06	3,63	0,67	0,38	1,36	1	2,09
PB	B	1,13	2,34	-0,06	3,63	0,67	0,38	1,36	1	2,09
MM	CP	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
MM	P1	-0,4	4,95	6,29	26,31	8,83	1,07	-0,65	-2,71	4,66
MM	CVg	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
MM	DPg	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
MM	B	-0,4	4,95	6,29	26,31	8,83	1,07	-0,65	-2,71	4,66
GI	CP	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
GI	P1	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
GI	CVg	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
GI	DPg	6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
GI	B	2,87	6,51	6,69	14,92	9,09	2,14	1,58	-0,75	-10,88
E		6,72	6,84	9,72	24,57	8,62	1,23	3,3	-0,91	-2,25
S		2,87	2,24	4,77	31,1	5,24	0,91	0,62	-2,71	8,86

SH: Smith (1936) e Hazel, (1943); W: Williams, (1962), PB: Pesek e Baker, (1969); MM: Mulamba e Mock, (1978); GI: Distância Genótipo-Ideótipo; E: Elston, (1963); S: Subandi et al., (1973); CP: Caracteres Principais; P1: Peso 1; CVg: Coeficiente de variação genético; DPg: Desvio padrão genético; B: Coeficientes estimados a partir de análise de regressão múltipla; IC: índice de colheita; M100V: massa de cem vagens; M100S: massa de cem sementes; V/P: número de vagens por planta; CV: comprimento de vagens; O: teor de óleo; IF: início de floração; MCV: maturação completa de vagens; CHP: comprimento da haste principal.

Para mensurar o grau de concordância ou discordância de seleção, em ordem decrescente de classificação dos onze genótipos para as 27 combinações (índices/pesos econômicos), foram estimadas as medidas de dissimilaridade, sendo expressas via dendograma-UPGMA (Figura 1) e projeção gráfica-2D (Figura 2).

Os dois métodos foram concordantes em diferenciar as 27 combinações em quatro grupos de similaridade, tanto para o dendograma (Figura 1), com ponto de corte de 80% de dissimilaridade, assim como para a distribuição dos pontos na projeção gráfica em 2 dimensões (Figura 2). Essa concordância é indicativa de consistência na formação de grupos de combinações índice/peso econômico, que apresentam alta similaridade na classificação dos genótipos, o que implica, que a adoção de um dentre as combinações pertencentes ao mesmo grupo de similaridade resultaria em padrão semelhante de seleção dos genótipos.

Dentre os quatro grupos formados, o grupo II, composto pelas combinações GI-CP, E, MM-CP, MM-P1, SH-DPg, W-DPg, SH-P1, W-P1, SH-CP, W-CP e MM-B, destaca-se por reunir a maioria das combinações que estimaram os maiores ganhos para as variáveis relacionadas à produção, seguido do grupo I (SH-B, W-B, MM-DPg, GI-P1, GI-DPg, SH-CVg, W-CVg, MM-CVg, S e GI-CVg).

O grupo III foi representado apenas pela combinação GI-B, que foi responsável por estimar ganhos insatisfatórios para a maioria dos caracteres avaliados. O grupo IV, foi representado por todas as combinações envolvendo o índice baseado nos ganhos desejados proposto por Pesek e Baker (1969).

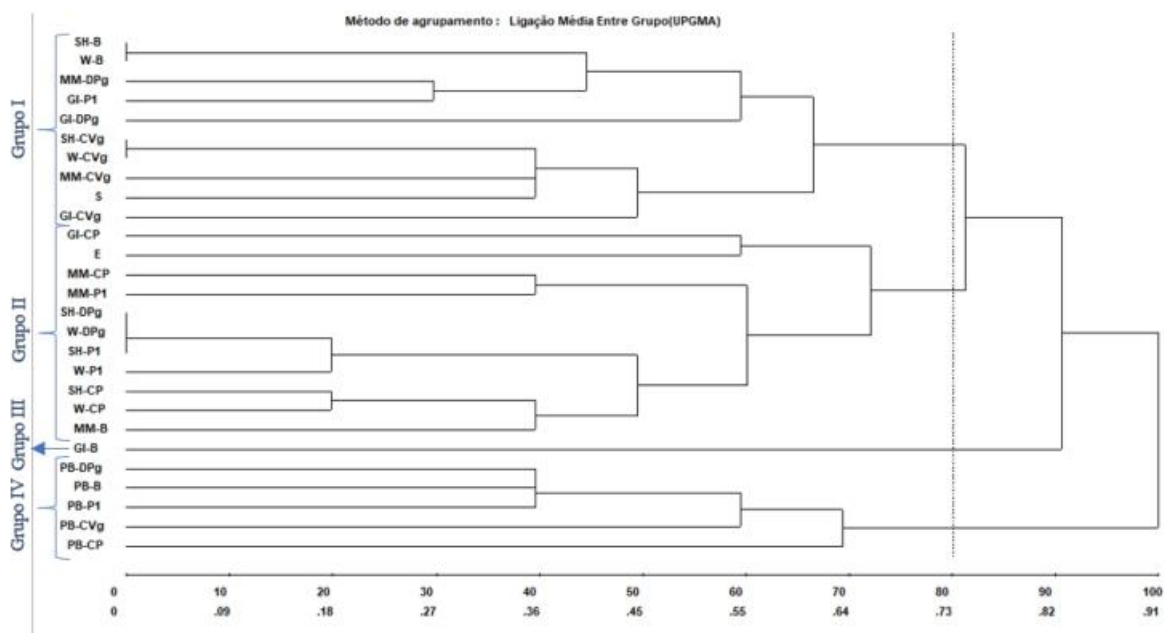


Figura 1: Dendrograma ilustrando as concordâncias entre as classificações dos genótipos selecionados para as 27 combinações índice/peso econômico, gerado via UPGMA com coeficiente de correlação cofenético de 0,845 e ponto de corte a aproximadamente 80% da dissimilaridade total de acordo com o critério de Mojema (1977).

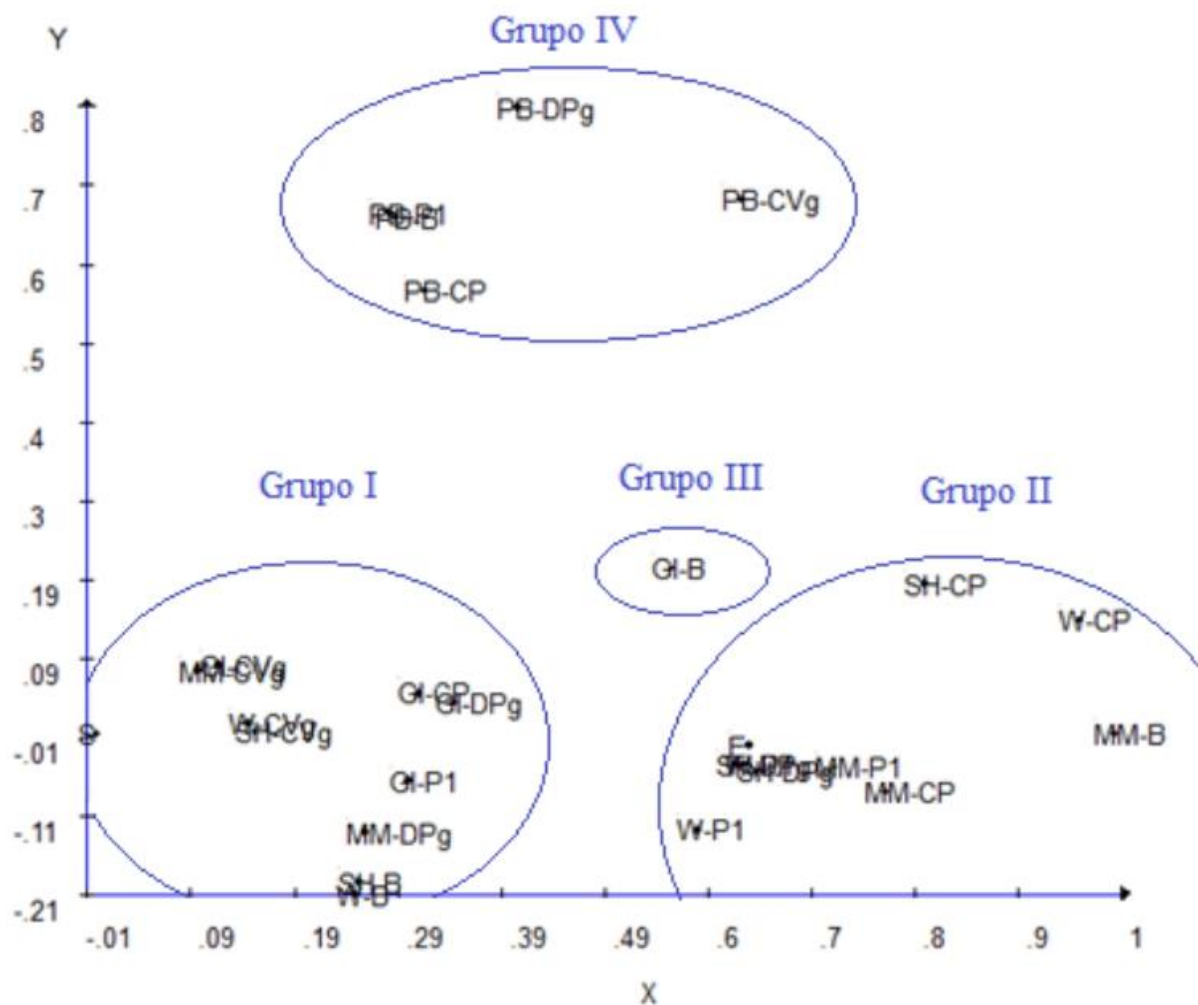


Figura 2: Projeção gráfica em 2D da dissimilaridade estimada, ilustrando as concordâncias entre as classificações dos genótipos selecionados para as 27 combinações índice/peso econômico.

Conclusões

Existe variabilidade genética suficiente na população, passível de se praticar seleção com possibilidade obtenção de ganhos genéticos;

O índice baseado na soma de ranks de Mulamba e Mock combinado com o peso um para todos os caracteres, foi a combinação mais promissora, indicando os ganhos mais equilibrados.

Referências

- BAKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. CRC Press, 1986, 218p.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2018/2019**. V. 6 - SAFRA 2018/19- N. 4 - Quarto levantamento, JANEIRO 2019. Brasília, DF: Conab, 126p. 2019. Acesso em: 30 de janeiro de 2019. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/gaos/boletimgraosjaneiro2019.pdf>.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese (Doutorado)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990,188p.
- CRUZ, C.D. **Programa genes – biometria**. Viçosa: UFV, 2006, 668p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4º ed. Viçosa: UFV, 2012, 514p.
- CRUZ, C.D.; GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**. V.35, p.271-276, 2013.
- DALBOSCO, E.Z.; KRAUSE, W.; NEVES, L.G.; ARAÚJO, D.V.; HIEGA, K.M.R.; SILVA, C.G. Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.40, p.1-8, 2018.
- HAZEL, H.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.
- HEID, D.M.; ZÁRATE, N.A.H.; OHLAND, R.A.A.; TORALES, E.P.; MORENO, L.B.; VIEIRA, M.C. Produtividade agronômica de genótipos de amendoim Virgínia cultivados com diferentes espaçamentos entre fileiras no canteiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v.39, p.105-113, 2016.
- ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v.19, p.85-97, 1963.
- MOJENA R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**. v.20, p.359-363, 1977.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.
- PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v.49, p.803-804, 1969.

- RATHOD, S.S.; TOPROPE, V.N. Studies on Variability, Character Association and Path Analysis on Groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **International Journal Pure Applied Bioscience**, v.6, p.1381-1388, 2018.
- SANTOS, R.C.; FREIRE, R.M.M.; LIMA, L.M.; ZAGONEL, G.F.; COSTA, B.C. Produtividade de grãos e óleo de genótipos de amendoim para o mercado oleoquímico. **Revista Ciência Agronômica**, v.43, p.72-77, 2012.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936.
- SANTOS, R.C.; RÊGO, M.G.; SILVA, A.P.G.; VASCONCELOS, J.O.L.; COUTINHO, J.L.B.; MELO FILHO P.A. Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v.14, p.589-593, 2010.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L.T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v.13, p.184-186, 1973.
- USDA. United States Departamento f Agriculture. **Oilseeds: world markets and trade**. Foreign Agricultural Service. April 2019. Acesso em: 15 de abril de 2019. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>.
- VALLS, J. F. M.; Recursos genéticos de *Arachis*: Avanços no conhecimento botânico e a situação atual de conservação e uso. **Revista Agrociencia**, v.9, p.123-132, 2005.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Fundação Cargill, p.122-201, 1978.
- WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.

CONCLUSÕES GERAIS

- 1.** Três famílias de amendoim anfidiplóide, com tolerância ao estresse hídrico, foram identificadas por meio de métodos de seleção, baseando-se nos modelos REML/BLUP e Índice de Soma de Ranks.
- 2.** Os ganhos conseguidos por meio das estimativas dos parâmetros genéticos são satisfatórios para permitir avanço nas futuras linhagens, que contém alelos de tolerância a seca introgridos para a espécie cultivada.
- 3.** O índice baseado na soma de ranks de Mulamba e Mock combinado com o peso um para todos os caracteres mostrou-se bastante promissora, indicando ganhos satisfatórios e equilibrados.