

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE RETROCRUZAMENTO ENTRE BR 1 E ANFIDIPOIDE SINTÉTICO DE *ARACHIS*

Jean Pierre Cordeiro Ramos(1); Wellison Filgueiras Dutra(1); José Jaime Vasconcelos Cavalcanti(2); Roseane Cavalcanti dos Santos(2).

(1)Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB, jean.jp31@gmail.com;

(2)Laboratório de biotecnologia, Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, roseane.santos@embrapa.br.

Introdução:

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma oleaginosa de importância econômica, com uma produção mundial cituada em torno de 40 milhões de toneladas anuais, correspondendo à posição de quarta oleaginosa no ranking global (USDA, 2016).

É uma leguminosa de distribuição natural no Brasil, Bolívia, Paraguai, Argentina e Uruguai (Krapovickas e Gregory, 1994; Valls e Simpson, 2005). É uma dicotiledônea pertencente à família Leguminosae, subfamília Faboideae, gênero *Arachis* (Nogueira et al., 2013). A seção *Arachis* a qual pertence o *Arachis hypogaea* L. inclui espécies diploides de ciclo anual e perene que apresentam diferentes níveis de complementaridade com o genoma do amendoim cultivado (Fávero et al., 2006).

A contribuição de espécies selvagens nos programas de melhoramento é bastante expressiva, principalmente no melhoramento voltado à resistência a doenças, quando esses níveis se encontram baixos no germoplasma da espécie cultivada ou a base genética é estreita e a pressão de seleção em biótipos virulentos de pragas e doenças leva a total susceptibilidade da espécie cultivada, sendo assim, destacada a necessidade de descoberta e introgressão de genes relacionados a tolerância, presentes em espécies silvestres (Rao et al., 2003).

A caracterização de uma população segregante é de fundamental importância, pois dará arcabouço suficiente para indicar quais os materiais mais promissores, além de servir como base para a estimação da variabilidade genética. De acordo com Cruz et al. (2011) o sucesso de um programa de melhoramento está relacionado diretamente à existência de variabilidade genética na população de trabalho, podendo essa ser representada por uma medida de similaridade ou dissimilaridade.

Descritores morfológicos são bastante promissores no processo de caracterização de populações onde há pouco conhecimento do perfil de distribuição das frequências alélicas, já que os mesmo sofrem pouca influência do ambiente. Descritores agronômicos, embora mais robustos e contributivos, sofrem maior influência ambiental, o que impõe a necessidade de repetibilidade para dar maior poder de inferência (Cruz et al., 2011; Ramos et al., 2015).

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética em uma população segregante oriunda de um retrocruzamento entre o BR 1 e um anfidiplóide sintético com base em descritores morfoagronômicos.

Material e Métodos:

O ensaio foi desenvolvido em casa de vegetação na sede da Embrapa Algodão, em Campina Grande-PB (7°13'50"S, 35°52'52"W, 551 m), no período de Novembro de 2015 e Fevereiro de 2016.

A população utilizada foi oriunda de um retrocruzamento entre o cultivar BR 1 e um anfidiplóide sintético {BR 1 x [BR 1 x (K9484 X SeSn2848)]}. O anfidiplóide é resultado do cruzamento entre o acesso K9484 (*A. batizocoi* Krapov. e W.C. Gregory, sendo detentor do genoma B) e SeSn2848 (*A. duranensis* Krapov. e W.C. Gregory, representando o genoma A), gerando um híbrido diploide o qual teve seu número de cromossomos duplicados com colchicina (Santos, 2012; Burrow et al., 2001).

O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado (DIC). Os tratamentos constaram do cultivo de 81 genótipos segregantes RC₁F₄ (enumerados de 1 a 81), mais BR1 (82) e 55 437 (83), os quais foram representados por uma semente cada e semeados em vasos com volume de 50 litros em solo franco arenoso e adubado de acordo com a recomendação de Santos et al. (2006).

A temperatura e umidade máxima e mínima médias variaram de 45,2 °C a 21,2 °C e 87% a 34%, respectivamente. A supressão hídrica teve início aos 24 DAE (Dias Após a Emergência), com o objetivo de submeter as plantas à condição de estresse no período de floração, e referenciado o período com base nas plantas testemunhas (BR1 e 55 437), sendo retomada a irrigação após 15 dias.

As variáveis morfoagronômicas avaliadas foram: cor da haste principal (CorHP), distribuição das flores na haste principal (Dist.Flor), cercosporiose (Cercosporiose), outros sintomas foliares (OSF), comprimento da haste principal (Comp.Haste), comprimento da raiz (Comp.Raiz), peso seco total (PST), peso de vagens por planta (PV), peso de raiz (PR), peso de sementes por planta (PS) e número de sementes por planta (NS).

A dissimilaridade entre a população foi estimada por meio do algoritmo de Gower (1971), onde as distâncias genéticas são calculadas levando em consideração caracteres quantitativos e multicategóricos simultaneamente. Para o agrupamento dos genótipos procedeu-se a análise hierárquica de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Para verificar a adequação do dendograma em representar a dissimilaridade real realizou-se a comparação entre a matriz de distância original e a de agrupamento por meio da estimativa do coeficiente de correlação cofenética (Cruz, 2006).

Os dados foram analisados por meio do programa computacional Genes Versão 2016.6.0 (Cruz, 2013).

Resultados e discussão:

O agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, foi realizado com o objetivo de representar em um plano bidimensional a dissimilaridade existente entre os 83 genótipos em estudo. No dendograma gerado pode ser observado no eixo x os níveis de dissimilaridade existente na população, sendo seu valor máximo representando 100% da dissimilaridade total. No eixo y representa-se a similaridade genética entre os indivíduos em termos de proximidade na sequência de distribuição dos mesmos no eixo. Na Figura 1 podemos observar alta variabilidade genética na população em estudo, sendo indicado a formação de 11 grupos, tomando como critério um ponto de corte a uma altura de aproximadamente 57% da dissimilaridade total de acordo com o critério de

Mojena (1977). Este método mostrou-se adequado para a representação da dissimilaridade entre os genótipos em um dendograma, por apresentar um coeficiente de correlação cofenético satisfatório (69%) e significativo a 1% de probabilidade, o que propiciou valores baixos de distorção e estresse (6,3% e 25,1%, respectivamente).

O grupo 1 foi representado por 17% dos genótipos, incluindo o cultivar BR 1 que é um genótipo de reconhecida superioridade produtiva para as condições semiáridas (Santos et al., 2010), além de ser o material recorrente do retrocruzamento, destacando como principais características desse grupo altura da haste principal mediana, em torno de 20 cm, e com flores distribuídas na haste principal. Luz et al. (2011) ao estudar a correlação de características de amendoim associadas às vagens destacou a importância da distribuição das flores ser concentrada no terço inferior da haste principal e sua correlação positiva com caracteres de produção.

No grupo 2 encontra-se o cultivar 55 437 africano que é um material de referência em termos de resistência à seca (Santos et al., 2010), o que indica que neste grupo estejam contidos materiais com características de interesse ao cultivo em ambiente semiárido, o que pode ser observado em termos de comprimento e peso das raízes onde esse grupo apresentou entre os mais promissores em termos de média geral. Ramos et al. (2015), ao realizar uma análise de agrupamento com acessos pertencentes à coleção de germoplasma da Embrapa Algodão indicou a ligação do 55 437 com materiais promissores para o cultivo em condições semiáridas.

O grupo 3 aglomerou 6 genótipos com os maiores valores de produção de massa seca total, peso de raízes e peso de sementes, indicando ser um grupo com potencial para seleção de genótipos promissores. No grupo 4 se encontra genótipos com sintomas de cercosporiose assim como médias inferiores de peso de vagem, peso de semente e número de sementes.

Os grupos 5, 6 e 7 foram representados por apenas um genótipo cada, que apesar de se valor como recurso genético não apresentou características de interesse a serem selecionadas, fato esse semelhante ao grupos 8, 10 e 11 que embora tenham agrupado respectivamente 30,1%, 22,95 e 2,4% dos genótipos, em termos de média geral não detiveram boa representação para os caracteres de produção como peso de vagem e peso de sementes.

O grupo 9 com apenas três acessos foi o mais promissor em termos de média para as características de produção como peso de vagens, peso de sementes e número de sementes, indicando ganhos genéticos na seleção de indivíduos desse grupo para dar prosseguimento ao programa de melhoramento com o intuito de desenvolver genótipos de alto potencial produtivo.

Conclusões:

Há alta variabilidade genética na população segregante resultante do retrocruzamento entre o cultivar BR 1 e o anfidiplóide sintético;

O método UPGMA mostrou-se adequado para representar a dissimilaridade em um dendograma, indicando a formação de 11 grupos;

A seleção de genótipos dos grupos 3 e 9 são interessantes para trabalhos de hibridação por apresentarem características de interesse do programa de melhoramento, além de alta divergência genética, proporcionando possibilidade complementariedade genética, ganhos genéticos e geração de linhagens superiores.

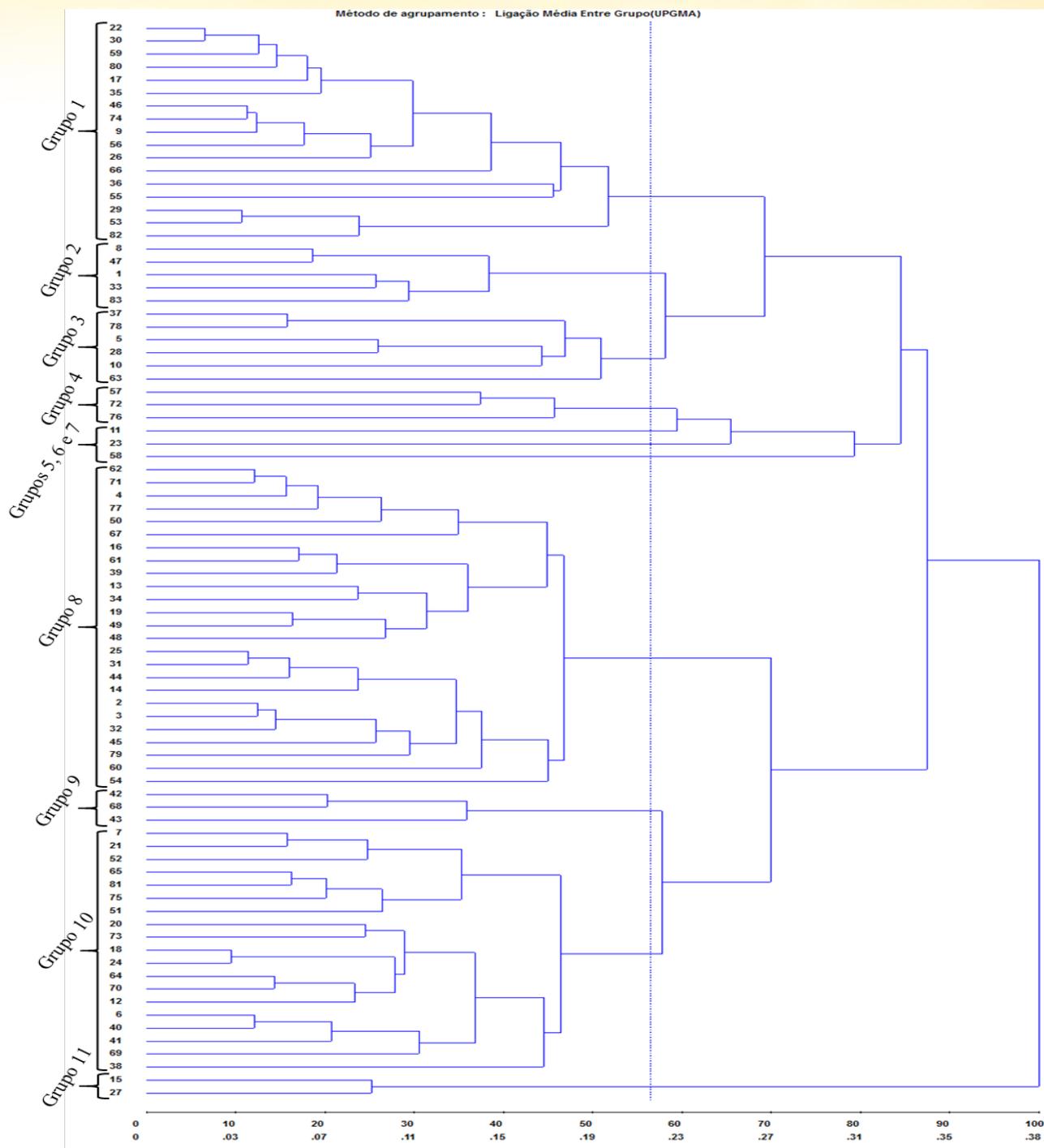


Figura 1: Dendograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na matriz de dissimilaridade de Gower (1971) para 83 genótipos de amendoim com base em 11 caracteres morfoagronômicos. Coeficiente de

(83) 3322.3222

contato@conidis.com.br

www.conidis.com.br

correlação cofenética de 0,6942. Linha pontilhada representa o ponto de corte a uma altura de aproximadamente 57% da dissimilaridade total (dissimilaridade igual a 0,2213).

Referências:

- BOROW, M. D.; SIMPSON, C. E.; STARR, J. L.; PATERSON, A. H. Transmission Genetics of Chromatin From a Synthetic Amphidiploid to Cultivated Peanut (*Arachis hypogaea* L.): Broadening the Gene Pool of a Monophyletic Polyploid Species. **Genetics** v.159, p.823–837, 2001.
- CRUZ, C. D. GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Sci., Agron.** v.35, n.3, pp. 271-276, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.
- CRUZ, C. D. Programa GENES: **análise multivariada e simulação**. Viçosa-MG, Ed. UFV, 2006, 175 p.
- CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Editora UFV, 620p, 2011.
- FÁVERO, A. P.; SIMPSON, C. E.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. A. Study of the Evolution of Cultivated Peanut through Crossability Studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, v.46, p.1546-1552, 2006.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics** v.27, p.857-874, 1971.
- KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, v. 8, p. 1-186, 1994.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: na evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.
- NOGUEIRA, R. J. M. C.; TÁVORA, F. J. A. F.; ALBUQUERQUE, M. B. de; NASCIMENTO, H. H. C. do; SANTOS, R. C. dos. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; LIMA, L. M. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2013, p. 73-113.
- LUZ, L. N. da; SANTOS, R. C. dos; MELO FILHO, P. de A. Correlations and path analysis of peanut traits associated with the peg. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 88-93, 2011.
- RAMOS, J. P. C.; LUZ, L. N. da; CAVALCANTI, J. J. V.; LIMA, L. M. de; FREIRE, R. M. M.; MELO FILHO, P. de A.; SANTOS, R. C. dos. Clustering fastigiata peanut accessions for selection of early-mature types suitable for the food Market. **Australian Journal of Crop Science**, v. 9, n. 11, p. 1089-1094, 2015.
- RAO, N. K.; REDDY, L. J.; BRAMEL, P. J. Potential of wild species for genetic enhancement of some semi-arid food crops. **Genetic Resources and Crop Evolution**, V. 50, P. 707–721, 2003.

SANTOS, R. C.; REGO, G. M.; SANTOS, C. A.; PEIXOTO, A. S.; MELO FILHO, P. A.; MORAES, T. M. G.; SUASSUNA, T. F. **Recomendações técnicas para o cultivo do amendoim em pequenas propriedades agrícolas do Nordeste brasileiro.** Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. 7p. (Embrapa Algodão. Circular técnica, 102).

SANTOS, R. C.; RÊGO, M. G.; SILVA, A. P. G da; VASCONCELOS, J. O. L.; COUTINHO, J. L. B.; MELO FILHO P. de, A.; Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental.** Campina Grande-PB, v.14, n.6, p.589–593, 2010.

SANTOS, S. P. dos. **Produção e caracterização de alotetraploides sintéticos entre espécies silvestres do gênero *Arachis*.** Universidade de Barasilia, Brasília/DF, 89p 2012. Dissertação (Mestrado).

USDA. United States Department of Agriculture. **Oilseeds: world markets and trade.** Foreign Agricultural Service. July 2016. Acesso em 12 de Agosto de 2016. Disponível em: <http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/current/worldag-production/worldag-production-07-12-2016.pd>.

VALLS, J. F. M. e SIMPSON, C. E. New species of *Arachis* (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. **Bonplandia, CORRIENTES-Argentina**, v.14, p. 35-64. 2005.