

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CURSO DE MESTRADO**

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE
AMENDOIM TIPO VAGEM LISA CULTIVADOS POR AGRICULTORES
FAMILIARES DO RECÔNCAVO BAIANO

LUIZ FERNANDO MELGAÇO BLOISI

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
FEVEREIRO - 2011

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE
AMENDOIM TIPO VAGEM LISA CULTIVADOS POR AGRICULTORES
FAMILIARES DO RECÔNCAVO BAIANO

LUIZ FERNANDO MELGAÇO BLOISI

Engenheiro Agrônomo
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2008

Dissertação submetida ao Colegiado de Curso do
Programa de Pós-Graduação em Recursos
Genéticos Vegetais da Universidade Federal do
Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e
Fruticultura, como requisito parcial para obtenção do
Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais

Orientador: Prof. Dr. CLOVIS PEREIRA PEIXOTO

Co-Orientador: Prof. Dr. CARLOS ALBERTO DA SILVA LEDO

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA - 2011

FICHA CATALOGRÁFICA

B474 Bloisi, Luiz Fernando Melgaço

Variabilidade morfológica e seleção de genótipos de amendoim tipo vagem lisa cultivados por agricultores familiares do Recôncavo Baiano/ Luiz Fernando Megalaço Bloisi _ Cruz das Almas, BA, 2011.

f. 69. ; il.

Orientador: Clovis Pereira Peixoto

Co-orientador: Carlos Alberto da Silva Ledo

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Área de Concentração: Fitotecnia.

1. Amendoim. I. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II. Título.

CDD 633.368

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CURSO DE MESTRADO**

**COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE
LUIZ FERNANDO MELGAÇO BLOISI**



Prof. Dr. Clovis Pereira Peixoto
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB
(Orientador)



Pesquisador Dr. Edson Perito Amorim
Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF



Prof. Dr. Francisco de Sousa Lima
Instituto Federal do CEARÁ/Campus de Crato

]

Dissertação homologada pelo Colegiado do Curso de Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais em _____
Conferindo o Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais em _____

"Todo grande progresso da ciência
resultou de uma nova audácia da imaginação."
(John Dewey)

À minha mãe Rogéria Melgaço Bloisi,

Ao meu pai Luiz Fernando Bloisi,

A minha noiva Lorena Brandão Silva de Oliveira,

Ao meu irmão, Alfredo Melgaço Bloisi,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todas as pessoas que se esforçam para fazer do mundo um lugar melhor, não esperando nada em troca.

Muitas pessoas me acompanharam neste trajeto, contudo gostaria de agradecer, em especial minha mãe, pela dedicação, que desde o início em baixo de sol e de chuva estava sempre ao meu lado com a prancheta na mão, me ajudando e incentivado a fazer meu trabalho; a meu pai pelas palavras de apoio que me encorajavam; ao meu irmão pelo companheirismo e a minha noiva pela compreensão e amor.

Ao professor Clovis Pereira Peixoto pela amizade, paciência, presteza, atenção, condução do meu conhecimento e pelos anos de apoio que foram de grande valia pra o meu desenvolvimento pessoal e profissional.

Ao professor Carlos Alberto da Silva Ledo e as Eng^a. Agr^a. Adriana e Gisele.

Ao Professor Heraldo Soares de Vasconcelos Sampaio, pela idéia principal do projeto.

Ao Eng. Agr. Astrogildo Peixoto pela força e material cedido e ao Eng. Agr Valmir Lima por permitir a área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA), no município de Conceição do Almeida-BA. Aos amigos Andre Luiz, Patrícia Souza, Viviane Borges, Fabio Botelho, Luciano Sobral, Larissa Melo, Rafael, Queila de Souza, Nailson e Adailton, nos quais me acompanharam em campo e que sem eles eu não teria dados para realizar este trabalho. A grande amiga Vanessa que me mostrou varias soluções para os problemas enfrentados. Aos meus amigos de RGV, que compartilharam comigo bons momentos durante o curso.

A Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), pela oportunidade da realização deste curso, e ao programa de bolsa da FAPESB, pela bolsa de estudo concedida.

E a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a conclusão deste trabalho.

Obrigado a todos.

SUMÁRIO

	Páginas
RESUMO ABSTRACT	
INTRODUÇÃO	1
Capítulo 1	
VARIABILIDADE MORFOLÓGICA EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO.....	11
Capítulo 2	
AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE MORFOLÓGICA EM GENÓTIPOS PRÉ SELECIONADOS DE AMENDOIM DO TIPO VAGEM LISA NO RECONCAVO BAIANO.....	30
CONSIDERAÇÕES FINAIS	57

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE AMENDOIM TIPO VAGEM LISA CULTIVADOS POR AGRICULTORES FAMILIARES DO RECÔNCAVO BAIANO

Autor: Luiz Fernando Melgaço Bloisi
Orientador: Clovis Pereira Peixoto
Co-orientador: Carlos Alberto da Silva Ledo

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade morfológica existente entre os genótipos de amendoim coletados de pequenos produtores no Recôncavo Baiano, genótipos originais (GO), para, num segundo momento, obter genótipos selecionados (GS) mais promissores para futuros programas de melhoramento. O trabalho foi iniciado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA), no município de Conceição do Almeida-BA e, posteriormente, concluído em área experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, no município de Cruz das Almas, BA, ambos situados no Recôncavo Baiano. As análises morfológicas de crescimento, em ambas as etapas procederam-se o método não destrutivo a partir do 21º dia após a emergência e, para as análises morfológicas do legume e produção, aos 96 dias após emergência. Conclui-se que na primeira etapa houve diferença significativa entre as variáveis dos genótipos analisados por meio do teste Scott-Knott, com exceção das características de produção. Foi observada uma baixa variabilidade, na qual, pode ser atribuída à mistura nas características morfológicas encontradas entre e dentro dos genótipos estudados. Na segunda etapa os métodos de agrupamento Tocher e UPGMA identificaram variabilidade, formando grupos distintos. Os genótipos selecionados (GS), 5.2, 6.2, 13.2 e 14.1 apresentaram os melhores indicativos para os critérios avaliados.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L, morfologia, dissimilaridade, correlação, componentes de produção

VARIABILITY AND SELECTION OF PEANUT GENOTYPES KIND VAGEM LISA CULTIVATED BY SMALLHOLDERS OF RECÔNCAVO BAIANO

Author: Luiz Fernando Melgaço Bloisi

Avisor: Clovis Pereira Peixoto

Co-avisor: Carlos da Silva Ledo

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate the morphological variability among genotypes of peanut collected from small producers in Recôncavo, unique genotypes (GO), for second stage, get selected genotypes (GS) most promising for future breeding programs. The work was initiated as an experimental area of Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA), municipality of Conceição do Almeida, Ba, and subsequently completed in the field of Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, in Cruz das Almas, Ba, both located in Recôncavo. The morphological analysis of growth, in both steps proceeded to the non-destructive method from the 21th day after emergence and for analysis of morphological and vegetable production, 96 days after emergence. It was conclude that the first step was no significant difference between the variable of the genotypes analyzed using Scott-Knott test, except for production characteristics. The results showed low variability, which can be attributed to the mix on morphological characteristics found among and within genotypes. In the second stage, the clustering methods UPGMA and Tocher, identified variability, forming distinct groups. The selected genotypes (GS) 5.2, 6.2, 13.2 and 14.1 showed the best predictors for the criteria evaluated.

Keywords: *Arachis hypogaea* L, morphology, dissimilarity, correlation, yield components

INTRODUÇÃO

O Amendoim (*Arachis hipogaea* L.) é cultivado em diversas regiões do mundo sob as mais diferentes condições edafoclimáticas. A produção de amendoim, em escala global, alcançou 35,6 milhões de toneladas e 5,8 milhões de toneladas em óleo, por ano, sendo os principais produtores mundiais China, Índia e Estados Unidos (BORGES et al., 2007). O Brasil colheu até o final da safra (2007/2008) cerca de 310 mil toneladas de amendoim, sendo os maiores produtores São Paulo, Paraná, Minas Gerais e Mato Grosso. A Bahia está em 5º lugar em produção e com a 2ª maior área plantada do país. A CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento) registrou para este estado, estimativa de safra 2007/2008 numa área de 6,7 mil hectares, uma produção de 7,2 mil toneladas, com um rendimento médio de 1.070 kg ha⁻¹ (CONAB, 2010).

O amendoim, (do tupi *mandu'wi*, "enterrado"), começou a ser estudado por botânicos no século XVIII, nos quais observaram variações morfológicas. Lineu, em 1753, foi o primeiro a descrever a planta de amendoim. Quase cem anos depois, em 1841, Bentham verificou que existiam algumas formas um pouco diferentes daquelas estudadas por Lineu, e as descreveu como espécies silvestres do amendoim. Com o passar do tempo novas espécies foram sendo encontradas e mais estudos permitiram identificá-las e classificá-las (FERNÁNDEZ; KRAPOVICKAS, 1994; VALLS; SIMPSON, 1997). Além disso, foi possível identificar uma grande variação morfológica entre plantas do amendoim cultivado, o que levou Krapovickas (1995) a propor uma subdivisão em subespécies e variedades.

As 81 espécies do gênero *Arachis* L. distribuem-se em nove secções taxonômicas, de acordo com similaridades morfológicas, compatibilidade para cruzamentos e viabilidade do pólen dos híbridos resultantes (KRAPOVICKAS; GREGORY, 1994; VALLS; SIMPSON, 1997).

O gênero é nativo da América do Sul, ocorrendo naturalmente na Argentina, Bolívia, Brasil, Paraguai e Uruguai. O centro de diversidade está localizado no Planalto Central Brasileiro (GREGORY et al., 1980; HAMMONS, 1994), com as espécies amplamente distribuídas no bioma Cerrado e em outros ambientes de vegetação aberta. Tem por limites de distribuição a Ilha de Marajó, ao norte, o Uruguai ao sul, o Nordeste brasileiro, a leste, e o sopé da Cordilheira dos Andes, a oeste (SILVA, 1997).

Ocorrem naturalmente no Brasil pelo menos 64 das 81 espécies de *Arachis*, sendo que 47 delas são exclusivas do país, representando uma grande fonte de diversidade genética. Quatro seções são endêmicas, fazendo com que o Brasil seja a única fonte de germoplasma desses táxons. As seções endêmicas incluem espécies de grande potencial agrícola e comercial, como *Arachis pintoi* (KRAPOVICAS; GREGOR, 1994), *A. repens* Handro e *A. villosulicarpa* Hoehne (VALLS, 2000).

O gênero *Arachis* L. é dividido em nove seções. Destas, a *Arachis* desperta maior interesse econômico por abrigar o amendoim cultivado (*Arachis hypogaea* L.) (VEIGA et al., 2001).

O amendoim é uma dicotiledônea pertencente à família Legumiosae, subfamília Papilionoideae, gênero *Arachis*. Nativo da América do Sul é uma das oleaginosas mais cultivadas no mundo. A espécie se subdivide em duas subespécies, *Arachis hypogaea* L. subespécie *hypogaea* e *Arachis hypogaea* subespécie *fastigiata*.

É uma planta alotetraplóide, que se reproduz quase exclusivamente por autogamia (SANTOS et al., 2000), herbácea, ereta ou prostrada, anual, com ciclo entre 90 e 160 dias, atingindo altura da haste principal entre 50 a 60 cm. Desenvolve, logo após a germinação, um ramo principal que se origina da gema apical do epicótilo e dois ramos laterais originados a partir das gemas axilares aos cotilédones. Cerca de 30 dias após a emergência observa-se o início da ramificação alternada ou seqüencial.

As sementes, provenientes dos óvulos, constituem a parte de maior interesse econômico, por ser um alimento nutritivo e com alto teor de óleo comestível, seu número pode variar entre 1 a 6, sua proporção varia de acordo

com a cultivar e as condições do plantio; de maneira geral, situa-se entre 65 e 80% (NOGUEIRA; TÁVORA, 2005).

A maioria das espécies do gênero é diplóide com $2n=20$ cromossomos, havendo quatro espécies diplóides com $2n=18$ e apenas cinco espécies tetraplóides, incluindo o amendoim. As informações obtidas pela análise citogenética das espécies de *Arachis*, sempre tiveram grande importância para a compreensão das relações interespecíficas, apesar de causar grande surpresa, como no caso dos diplóides com $2n=18$, identificados a menos de uma década, e de ainda não ter permitido, com precisão, indicar os possíveis ancestrais diplóides que contribuíram para a formação do alotetraploide cultivado *A. hypogae*.

Um dos principais fatores que dificultava a eficiência dos programas de melhoramento genético é a interação genótipo x ambiente (GxE), pois certa variedade gerada para determinado local pode não ser tão produtiva ou não possuir um bom desempenho em condições diferentes daquelas para a qual foi produzida, este é o caso dos cultivos de novas variedades que são adaptadas a uma realidade local de ambiente favorável e quando elas são levadas para ambiente desfavorável há uma redução de produção (CECCARELLI; GRANDO, 2001).

Cruz e Regazzi (1997) referem que o estudo da diversidade genética representa uma técnica auxiliar na utilização dos recursos genéticos de plantas. Em termos específicos, esse método objetiva identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, com a possibilidade de recuperação de genótipos superiores em suas gerações segregantes. Os autores citam, também, que na análise de dados físicos e químicos, vários métodos multivariados são empregados. Dentre eles, os de agrupamento por otimização e hierarquização, componentes principais e variáveis canônicas. A análise de agrupamento tem por finalidade discriminar geneticamente os indivíduos, e permite separá-los em grupos pela análise de um conjunto de características inerentes a cada indivíduo, agrupando-os por algum critério de classificação, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Basicamente, esse processo relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os genótipos utilizando uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos.

Medidas de similaridade ou dissimilaridade são de grande importância em estudos de diversidade genética (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2003). Entre as metodologias estatísticas mais utilizadas para estimar a distância genética, destacam-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a distância Euclidiana. A primeira oferece a vantagem de levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados, porém, necessita de ensaios experimentais com repetições. Os dados das estimativas de distância entre cada par de genótipos estudados são apresentados em uma matriz simétrica e a partir dessa, a visualização e a interpretação das distâncias podem ser facilitadas pela utilização de um método de agrupamento.

Segundo Rao (1952) o método de Tocher é um dos métodos de otimização mais empregados no melhoramento genético. Esse método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de genótipos mais similares (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos genótipos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo. O agrupamento de Tocher vem sendo empregado com êxito em estudo de divergência genética em diversas culturas, onde se observaram a formação de grupos com ampla variabilidade entre os diversos acessos avaliados (ARAÚJO; CARVALHO; ALVES, 2002; OLIVEIRA; FERREIRA; SANTOS, 2007).

Cruz e Regazzi (1997) e Cruz e Carneiro (2003) relatam que nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama. Através de exame visual do dendrograma, avaliam-se pontos de alta mudança de nível, tornando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo. Entre os métodos hierárquicos, o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Average*) é um dos utilizado com maior frequência em ecologia e sistemática e, em taxonomia numérica, respectivamente (SNEATH; SOKAL, 1973; JAMES; MCCULLOCH, 1990). Segundo Cruz e Carneiro (2003) este é um método não-ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo e mínimo) entre os genótipos considerados.

O emprego do método de agrupamento na representação das distâncias em estudos multivariados é adotado em grande escala pelos pesquisadores das diferentes áreas do conhecimento, com êxito em estudos filogenéticos na área vegetal (BERTAN ET AL., 2006). A técnica dos componentes principais permite transformar um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, mas com propriedades importantes, com grande interesse em estudos de melhoramento. Além disso, possibilita avaliar a importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados (CRUZ; REGAZZI, 1997), sendo possível, em estudos futuros, o descarte de variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Noventa e sete municípios plantam amendoim no Estado da Bahia, sendo maioria deles localizados no Recôncavo, Litoral Norte e Baixo Sul e apresentam potencial para aumentar o plantio em mais 100 mil hectares. Na região Semi-Árida (Curaçá) o amendoimzeiro é plantado sob condições de irrigação. Os municípios de Maragogipe, Conceição do Almeida e Cruz das Almas são os principais produtores, concentrando 42% da produção Estadual, sendo o plantio realizado em condições de sequeiro (SEAGRI, 2008).

No caso específico do Recôncavo Baiano, cerca de 80% da produção do amendoim é destinada ao mercado de consumo in natura, na forma de amendoim torrado ou cozido, gerando empregos diretos e indiretos, uma vez que o produto na sua maioria é comercializado em feiras livres, festas juninas, festas de largos, praias, etc., conferindo grande importância no contexto sócio-econômico dessa Região (GONÇALVES, 2004).

As sementes utilizadas na região do recôncavo, em sua maioria, são produzidas pelo próprio agricultor, no qual o controle de qualidade, em geral, não ocorre. A produção industrial segue os padrões de tecnificação das grandes culturas comerciais, o que inclui a utilização de sementes selecionadas. Seleções individuais para caracteres reprodutivos (produtividade, tamanho e forma de vagens e sementes), realizadas em lavouras comerciais, demonstraram a existência de variabilidade, condição que possibilita o emprego de métodos de seleção genética. (Godoy et al., 1990, e Zanotto, 1993)

A origem dessa variabilidade pode ser explicada por mutações e polinizações cruzadas que, embora em taxas reduzidas, podem ocorrer. Embora sendo uma espécie autógama, as taxas de polinização cruzada podem atingir valores de até 8%. Outra causa muito comum dessa variabilidade, são as misturas físicas, que podem ocorrer nas lavouras de onde se obtém as sementes ou que foram implantadas em áreas onde havia amendoim de outras cultivares em anos anteriores. Essas misturas também podem ocorrer nas operações pós-colheita podendo promover uma desuniformidade na produção e posterior multiplicação. (Norden, 1973)

Diante da importância econômica, social e cultural dessa leguminosa na Bahia, em especial no Recôncavo Baiano, que responde por cerca de 80% da produção destinada ao mercado de consumo de vagem cozida ou na forma de amendoim torrado, gerando empregos diretos e indiretos (PEIXOTO et al., 2008), tornam-se necessários estudos para a obtenção de dados referentes ao desempenho agrônomo dos diferentes genótipos de amendoim para as condições desta Região.

Dentre os tipos preferidos pelos agricultores do recôncavo Baiano está o Valência, por ser de porte ereto, facilitando a colheita manual; as vagens possuem três a quatro sementes de película vermelha, por serem estas mais aceitas pelo mercado nacional (FREIRE, 1997). Neste grupo, encontra-se o amendoim do tipo Vagem Lisa, que em decorrência de misturas físicas e genéticas, apresenta grande variabilidade entre as características morfológicas, dentro e entre os genótipos, fazendo com que seus níveis de produtividade sejam aquém do potencial esperado.

Dessa forma, espera-se que a utilização de genótipos pré selecionados, possa permitir a expressão dos mais promissores para a Região, proporcionando a utilização em futuros trabalhos de melhoramento ou a sua recomendação ao agricultor.

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade existente entre os genótipos de amendoim do tipo vagem lisa, coletados de pequenos produtores no Recôncavo Baiano, genótipos originais (GO), para, num segundo momento, obter genótipos selecionados (GS) mais promissores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, P.; TARDIN, J.M. PETERSEN, P. **Conservando a biodiversidade em ecossistemas cultivados. Ação comunitária na manutenção de variedades locais no Agreste da Paraíba e no Centro-Sul do Paraná.** Disponível em: [HTTP://www.aspta.org.br/publique/media/cultivando_diversidade.pdf](http://www.aspta.org.br/publique/media/cultivando_diversidade.pdf). Acesso em: 10/11/2010.

BEGOSSI, A.; HANAZAKI, N; SILVANO, R. A. M. **Ecologia humana, etnoecologia e conservação.** In: AMOROZO, M. C. M.; MING, L. C. & SILVA, Bertrand Brasil, p. 328. 1998.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A G.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; SILVA, G.O.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I.P.; FINATTO, T. **Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio.** *Bragantia*, Campinas, v.65, n.1, p.55-63, 2006

BORGES, W.L.; XAVIER, G.R.; RUMJANEK, N.G. Variabilidade genética entre acessos de amendoim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p.1151-1157, 2007.

CECCARELLI, S; GRANDO, S. **Increasing the Efficiency of Breeding through Farmer Participation.** The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ACARDA), P. O. Box 5466 Aleppo (Syria). 2001

CONAB. **Quarto levantamento de avaliação da safra de 2006/2007**, jan/2007, 2007.

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

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1997.390p

FERNÁNDEZ, A; KRAPOVICKAS, A. **Cromosomas y evolución en Arachis. Bonplandia, Corrientes**, v.8, p. 187-220, 1994.

FREIRE, R. M. M. Composição lipoproteica da cultivar de amendoim BRS 151 L 7. **Revista Brasileira Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 3, n. 2, p. 109-114, 1999.

GODOY, I.J. & GIANDANA, E.H. Groundnut production and research in South America. In: Groundnut - a global perspective. **Proceedings of an international workshop**, 25-29 Nov 1991. ICRISAT Center, India (Nigam,S.N., ed.) Patancheru, India, 1992. p.77-85.

GONÇALVES, J. A. **Arranjo espacial no crescimento e rendimento de amendoim em duas épocas de semeadura no Recôncavo Baiano**. 2004. 97p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal da Bahia.

GREGORY, W.C; KRAPOVICKAS, A; GREGORY, M.P. 1980. **Structure, variation, evolution and classification in Arachis**. In: Summerfield, R.J., Bunting, A.H. Advances in legume Science, Kew, *Royal Botanic Gardens*, v. 2, p. 469-481

JAMES, F. C., AND C; E. MCCULLOCH. 1990. **Multivariate analysis in ecology and systematics: panacea or Pandora's box?**. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 21: 129-166

KRAPOVICKAS, A. **Origin y dispersion de las variedades del maní. Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria**, Buenos Aires, v. 49., p. 18-26,1995.

NOGUEIRA, R.J.M.C.; TÁVORA, F.J.A.F. Ecofisiologia do amendoim (*Arachis hypogaea* L.). In: SANTOS, R.C. dos (Ed.) **O Agronegócio do Amendoim no Brasil**. Ed. Campina Grande-PB: EMBRAPA, 2005, p. 16-44.

NORDEN, A.J. Breeding of the cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). In: Peanuts-culture and uses. American Peanut Research and Education Assoc. Stillwater, Oklahoma, USA. 1973. p.175-208.

PEIXOTO, C. P.; GONCALVES, J. A.; PEIXOTO, M. F. S. P.; CARMO, D. O. Características agronômicas e produtividade de amendoim em diferentes espaçamentos e épocas semeadura no Recôncavo Baiano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390 p.

SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H.; DUARTE, J.M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SEAGRI. Secretaria da Agricultura Irrigação e Reforma Agrária. A Produção de Oleaginosas na Bahia e sua Inserção no Programa Biodiesel. 2005. Disponível em< http://www.seagri.ba.gov.br/palestra_oleoginosas.pdf>. Acesso em: 12 de dezembro de 2010.

SILVA, G.P. 1997. **O conhecimento da geografia do gênero *Arachis (leguminosae)* para a coleta de germoplasma**. In. VEIGA, R.F.A., BOVI, M.L.A., BETTI, J.A. E VOLTAN, R.B.Q. (Eds). Simpósio Latino- Americano de Recursos Genéticos Vegetais, 1, 1997. Campinas. Resumos... Campinas: IAC, 1997. p. 24

SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

VALLS, J. F. M; SIMPSON, C. E. **Novas espécies de Arachis (Leguminosae)**
In.Simpósio Latino-Americano de Recursos Genéticos Vegetais,1. 1997.
Programas e Resumos...Campinas:Instituto Agronômico de Campinas, 1997, p
27-28.

VALLS, J.F.M. Diversidade genética no gênero *Arachis* e a origem do amendoim.
In: BANDEL, G. ET AL (Eds.) **Encontro Sobre Temas de Genética e
Melhoramento**, 17, 2000.

CAPÍTULO 1

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO¹

¹Artigo submetido ao comitê editorial do periódico científico Pesquisa Agropecuária Brasileira

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade morfológica existente entre os genótipos de amendoim produzidos por pequenos produtores no Recôncavo Sul Baiano. O trabalho foi realizado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA), no município de Conceição do Almeida-BA, situado no Recôncavo Sul Baiano, em um delineamento inteiramente casualizado com parcelas subdivididas no tempo, utilizando-se cinco plantas por linha com duas repetições. Para as análises morfológicas de crescimento procedeu-se o método não destrutivo a partir do 21º dia após a emergência e, para as análises morfológicas do legume e produção, aos 96 dias após emergência. Uma correlação de Pearson foi feita para demonstrar a importância das características morfológicas de crescimento em relação às características morfológicas do legume e produção. Concluiu-se que houve diferença significativa entre as variáveis dos genótipos analisados por meio do teste Scott-Knott, com exceção das características de produção, onde apenas a variável número de legumes diferiu significativamente. Observou-se baixa variabilidade na qual pode ser atribuída à mistura nas características morfológicas encontradas entre e dentro dos genótipos estudados, não permitindo indicar aos produtores os genótipos mais produtivos na Região do Recôncavo Baiano.

Palavra-chave: *Arachis hypogaea* L, morfologia, correlação, dissimilaridade

MORPHOLOGICAL VARIABILITY IN PEANUT GENOTYPES PRODUCED BY SMALL FARMERS OF RECÔNCAVO BAIANO

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate the morphological variability among genotypes of peanuts produced by small farmers in Recôncavo Sul Baiano. The study was conducted at the experimental site of empresa Baiana de desenvolvimento Agrícola (EBDA), municipality of Conceição do Almeida, Bahia, situated in Recôncavo Sul Baiano, in a completely randomized desing with split plot, with five plantsper line with two replications. For morphological analysis of the growth proceeded non-destructive method from the 21th day after emergence and for the analysis of morphological and vegetable production, 96 days after emergence. A Pearson correlation was perfomed to demonstrate the importance of the morphological characteristics growth with respected to morphology and vegetable production. It is concluded that there was significant difference between the variables of the genotypes analyzed using Scott-Knott test, except for the characteristics of production, where only the variable number of pods was significantly different. There was low variability in the genotypes that can be attributed to the mix on morphological characteristics found among and within genotypes, not allowing indicating to producers the most productive genotypes in the region of Recôncavo.

Keywords: *Arachis hypogaea* L, morphology, correlation dissimilarity

INTRODUÇÃO

É uma planta alotetraplóide, que se reproduz quase exclusivamente por autogamia (SANTOS et al., 2000), herbácea, ereta ou prostrada, anual, com ciclo entre 90 e 160 dias, atingindo altura da haste principal entre 50 a 60 cm.

As sementes, proveniente dos óvulos, constituem a parte de maior interesse econômico, por ser um alimento nutritivo e com alto teor de óleo comestível, seu número pode variar entre 1 a 6, sua proporção varia de acordo com a cultivar e as condições do plantio; de maneira geral, situa-se entre 65 e 80%.

Apresenta folhas compostas, pinada, com dois pares de folíolos inseridos num pecíolo de 4 a 9 cm. A inserção dos folíolos é oposta, apresentando a forma elíptica e lanceolada, dependendo da cultivar. Os estômatos estão presentes nas duas superfícies foliares, adaxial e abaxial. A flor é completa, perfeita, hermafrodita, com corola papilionácea, de coloração amarela, esta agrupada em números variáveis ao longo do ramo principal ou secundário, conforme a cultivar.

A época de florescimento é ampla, havendo períodos de aparecimento de maior número de flores, e o processo de frutificação ocorre por geocarpia, em que a flor aérea, após ser fecundada, produz um fruto subterrâneo por meio do ginóforo, e seu fruto (vagem), é considerado botanicamente um legume.

As sementes, proveniente dos óvulos, constituem a parte de maior interesse econômico, por ser um alimento nutritivo e com alto teor de óleo comestível, seu número pode variar entre 1 a 6, sua proporção varia de acordo com a cultivar e as condições do plantio; de maneira geral, situa-se entre 65 e 80% (NOGUEIRA; TÁVORA, 2005).

O amendoim apresenta três tipos botânicos, com destaque no Brasil para os tipos Valência e Virgínia, por serem mais comercialmente cultivados. O grupo Spanish tem pouca expressão econômica no país. O grupo Valência, que é o mais utilizado na região do Recôncavo apresenta porte ereto, ciclo curto, sementes de tamanho médio, tegumento de coloração vermelha e 3 a 5 sementes por vagem. Possuem nós produtivos tanto na haste principal como nas ramificações (SANTOS et al., 1997).

A cultura do amendoim tem grande interesse para a região do Recôncavo Baiano destacando-se os municípios de Maragogipe e Cruz das Almas como maiores produtores, onde é cultivado basicamente por pequenos e médios produtores com áreas em torno de 20 hectares. A caracterização de genótipos é essencial para a utilização nos programas de melhoramento, tendo como base características fenotípicas que geram uma grande quantidade de informações. As sementes utilizadas na região do recôncavo em sua maioria são produzidas pelo próprio agricultor, no qual o controle de qualidade, em geral, não ocorre.

Seleções individuais para caracteres reprodutivos (produtividade, tamanho e forma de vagens e sementes), realizadas em lavouras comerciais, demonstraram a existência de variabilidade, condição que possibilita o emprego de métodos de seleção genética. A origem dessa variabilidade pode ser explicada por mutações e polinizações cruzadas que, embora em taxas reduzidas, podem ocorrer. Embora sendo uma espécie autógama, as taxas de polinização cruzada podem atingir valores de até 8% (KNAUFT et al., 1992). Outra causa muito comum dessa variabilidade são as misturas físicas. Essas podem ocorrer nas lavouras de onde se obtém as sementes e que foram implantadas em áreas onde havia amendoim de outras cultivares em anos anteriores. Essas misturas também podem ocorrer nas operações pós-colheita podendo promover uma desuniformidade na produção e posterior multiplicação (NORDEN, 1973).

Diante da importância econômica, social e cultural dessa leguminosa na Bahia, em especial no Recôncavo Baiano, que responde por cerca de 80% da produção destinada ao mercado de consumo na forma de amendoim torrado ou cozido, gerando empregos diretos e indiretos (PEIXOTO et al., 2008), tornam-se necessários estudos para a obtenção de dados referentes a variabilidade morfológicas de genótipos cultivados no Recôncavo Sul Baiano.

Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade entre genótipos do Grupo Valencia, tipo Vagem Lisa, produzidos por pequenos agricultores do Recôncavo Sul Baiano.

MATERIAL E METÓDOS

O experimento foi implantado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA) no município de Conceição do Almeida-BA, situado no Recôncavo Baiano, a 12°46'46" de latitude Sul e 39°10'12" de longitude Oeste de Greenwich, tendo 216 m de altitude. O clima é tropical seco a subúmido e pluviosidade media anual de 1117 mm, assim como a temperatura média de 24,5° C e umidade relativa de 80% (ALMEIDA, 1999). O solo é classificado como Latossolo Amarelo distrocoeso, de textura argilosa e relevo plano (BORGES; SOUZA, 2009).

Realizou-se uma coleta de 15 genótipos, do tipo Vagem Lisa, cultivados por pequenos agricultores no Recôncavo Baiano e de Feira de Santana/BA, que embora esteja fora dessa Região, utiliza genótipos provenientes do recôncavo Baiano (Tabela 1). Foram coletadas amostras de aproximadamente 1,0 kg de legume por genótipo. Os quais foram adquiridos em julho de 2008 e semeados para multiplicação em outubro do mesmo ano. Foram semeadas em linhas únicas de 5,0 m de comprimento no espaçamento de 0,5 m entrelinhas e 0,1 m entre plantas, visando obter um numero satisfatório de sementes, para posterior utilização em experimento em campo.

Tabela1. Genótipos coletados na região do recôncavo Baiano e no município de Feira de Santana/BA, 2008.

GENÓTIPO	LOCAL DE COLETA
1	Conceição do Almeida
2	Cruz das Almas
3	Cabaceiras do Paraguaçu
4	São Felipe: Serra da Copioba
5	Cruz das Almas: Mombaça
6	Conceição do Almeida
7	Conceição do Almeida
8	Conceição do Almeida
9	Feira de Santana*
10	Feira de Santana*
11	São Felipe
12	Cruz das Almas: Escola de Agronomia
13	EBDA (sem identificação)
14	EBDA (sem identificação)
15	Conceição do Almeida

* Genótipos utilizados são provenientes do Recôncavo Baiano.

Após a colheita, os legumes foram secados ao sol por sete dias e os grãos sadios foram selecionados para o plantio no período de março de 2009. Para as análises, cada genótipo foi semeado em linhas individuais de 5,0 m com 0,5 m entre linhas e 0,1 m entre plantas tendo um total de 50 plantas.m⁻¹, em um delineamento inteiramente casualizado com parcelas subdivididas no tempo, utilizando-se cinco plantas por linha com duas repetições. Foi realizada uma análise de solo, entretanto, nenhum tipo de correção foi feita para que não houvesse diferença entre os métodos utilizados pelos agricultores.

Os genótipos foram identificados por números de 1 a 15, e para as análises de crescimento, em decorrência do número limitado de indivíduos, procedeu-se o método não destrutivo, com avaliações quinzenais a partir do 21º dia após emergência (DAE) até o final do ciclo, sendo selecionadas e marcadas com fitilho, cinco plantas ao acaso dentro de cada linha (Figura 1). Foram analisadas individualmente as seguintes variáveis: altura da haste principal (AHP), diâmetro da haste principal (DHP), número de folhas (NF) e número de ramificações (NR). A altura da planta foi determinada com o auxílio de uma régua graduada em centímetros, como a distância compreendida entre a superfície do solo e a extremidade haste principal. O diâmetro da haste principal foi aferido com o

auxílio de um paquímetro, tomando como base o colo da planta. O número de folhas bem como o de ramificações foi por contagem direta.

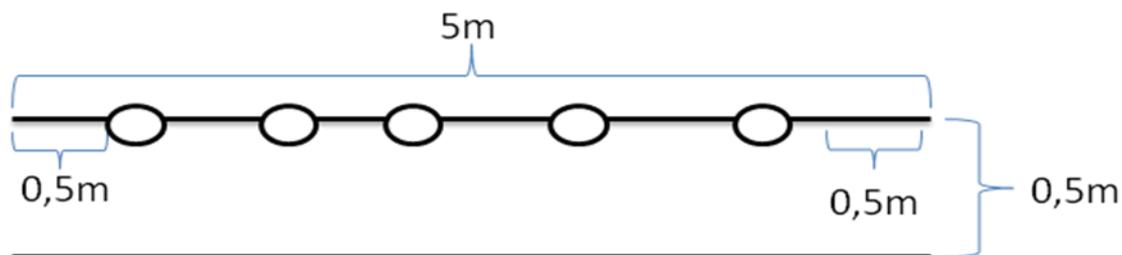


Figura 1. Disposição das linhas em campo e seus respectivos espaçamentos

A determinação dos componentes de produção da planta foi realizada aos 96 (DAE), onde se efetuou a colheita das cinco plantas marcadas, das quais foram selecionados cinco legumes ao acaso por planta, avaliando-se: comprimento de legume (CL-cm), diâmetro de legume (DL-cm) e número de grãos por legume (NG/L) e a produtividade por planta (g planta^{-1}), nas quais foram observadas as seguintes variáveis: número de legumes (NL), massa fresca de legume (MFL-g), massa seca de legume (MSL-g) e massa seca de grão (MSG-g).

Os dados foram submetidos à análise de variância e, em seguida, os valores médios foram ordenados segundo o teste de agrupamento Scott-Knott (SCOTT; KNOTT, 1974), a 5% de probabilidade. As análises multivariadas foram implementadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base nos métodos UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average), utilizando a Distância Euclidiana Média como medida de dissimilaridade. A otimização foi verificada por meio do método de Tocher (CRUZ et al., 2004; CRUZ, 2008). Os valores médios obtidos foram analisados utilizando-se os recursos do programa SISVAR versão 4.3, e os programas Genes e Statística 7 foram utilizados para as análises de dissimilaridade entre os genótipos estudados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de correlações simples (r) para as combinações das variáveis estudadas são apresentadas na Tabela 2. Na qual, por meio da análise

de correlação de Pearson entre as variáveis, verifica-se a existência de correlações significativas e positivas em relação às variáveis de crescimento e as características de produção. Observa-se que a AHP não apresentou correlação significativas em relação as características de produção.

O DHP x NL, apresentaram correlação significativa e positiva (0,59), o que demonstra que quanto maior o diâmetro da haste maior será o numero de legumes. A variável DHP também tem correlação significativa e positiva com a MFL (0,66), MSL (0,61) e QTG (0,56). O NF também apresentou correlação positiva e significativa com MFL, MSL, MSG e QTG com coeficientes de 0,69, 0,62, 0,56 e 0,59, respectivamente, bem como o NH, que apresentou com o NL (0,62), MFL (0,75), MSL (0,73), MSG (0,82) e QTG (0,74).

Correlações positivas também foram observadas para as variáveis MSL x MSG e QTG, com os seguintes coeficientes: 0,87 e 0,80; isso implica que quanto maior for a massa seca de legumes maior será a massa seca de grãos e a quantidade total de grãos. Para as características NTL, MFL, MSL, MSG e QTG houve correlações significativas e positivas entre todas as variáveis. Dados estes, confirmados por Nakagawa e Rosolem (1982), no qual afirmam que a produção de sementes correlaciona-se com o número de vagens por planta.

Tabela 2. Correlações de Pearson entre os 15 genótipos de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) coletados em municípios do Recôncavo Baiano e Feira de Santana/BA.

	AHP***	DHP	NF	NH	CL	DL	NGL	NL	MFL	MSL	MSG	NG
AHP	1											
DHP	-0.32 ^{ns}	1										
NF	-0.27 ^{ns}	0.85**	1									
NH	-0.11 ^{ns}	0.61*	0.72**	1								
CL	-0.32 ^{ns}	0.41 ^{ns}	0.48 ^{ns}	0.22 ^{ns}	1							
DL	-0.54*	0.30 ^{ns}	0.53*	0.13 ^{ns}	0.28 ^{ns}	1						
NGL	-0.17 ^{ns}	0.28 ^{ns}	0.45 ^{ns}	0.29 ^{ns}	0.90**	0.15 ^{ns}	1					
NL	0.38 ^{ns}	0.59*	0.50 ^{ns}	0.62*	0.18 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	0.14 ^{ns}	1				
MFL	-0.10 ^{ns}	0.66**	0.69**	0.75**	0.40 ^{ns}	0.26 ^{ns}	0.27 ^{ns}	0.76**	1			
MSL	-0.05 ^{ns}	0.61*	0.62*	0.73**	0.22 ^{ns}	0.19 ^{ns}	0.13 ^{ns}	0.73**	0.94**	1		
MSG	-0.02 ^{ns}	0.49 ^{ns}	0.56*	0.82**	0.08 ^{ns}	0.17 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.57*	0.84**	0.87**	1	
NG	0.39 ^{ns}	0.56*	0.59*	0.74**	0.04 ^{ns}	-0.04 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.85**	0.78**	0.80**	0.81**	1

*, **: correlação significativa a 5% e 1% probabilidade pelo teste t.

^{ns}: correlação não significativa.

*** AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (numero de folhas) e NH (numero de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (numero de grãos por legume), NL (numero de legumes), MFL (Massa fresca de legumes), MSL (Massa seca de legumes), MSG (Massa seca de grãos) e NG (numero de grãos por planta)

As características morfológicas de crescimento como: AHP, DHP, NF e NH, por meio de análises de medias como o Scott-Knott, são importantes para seleção de genótipos superiores, como pode ser observado na Tabela 3. Na qual se verifica a formação de quatro grupos distintos para a variável AHP, indicando que há uma diferença de 9,5 cm entre o valor máximo (29,42 cm) no genótipo nove e mínimo (19,89 cm) no genótipo quatro. Entretanto, em estudo realizado por Silveira (2010) utilizando o genótipo Vagem Lisa em diferentes densidades e formas de plantio, encontrou valores finais para AHP de 30,42 cm. Não apresentando grande diferença em relação ao genótipo nove observado neste trabalho.

Ainda com relação a essa característica, muitos autores apresentam dados discrepantes, provavelmente devido à falta de homogeneização dos materiais utilizados. Segundo Santos (2000), nas plantas do grupo Valencia ao qual pertence o cultivar Vagem lisa, a altura final da haste principal, mede em torno de 45,0 cm. Difere ainda, de valores encontrados por Gonçalves (2004) e Peixoto et al. (2008) nas condições do Recôncavo Baiano para a cultivar Vagem Lisa.

Plantas com maior diâmetro apresentam maior sobrevivência,

principalmente pela maior capacidade de formação e de crescimento de novas raízes (SCALON et al., 2002), sendo, portanto, importante a seleção de genótipos com maiores valores para esta característica. A variável DHP promoveu a formação de apenas dois grupos sendo o valor máximo de 0,56 cm (genótipo um) e mínimo de 0,41 cm (genótipo 10). Contudo, o genótipo um, apresentou valores superiores aos encontrados por Silveira (2010), para o genótipo Vagem lisa (0,40 cm). O coeficiente de absorção de luz por uma cultura é resultante da arquitetura das plantas (HEIFFIG, 2000) e, isso vai depender da quantidade de folhas que a mesma possui. As plantas com maior número de folhas e bem distribuídas (maior área foliar) apresentam maior captação da energia solar, podendo refletir em maior produção de massa seca e, conseqüentemente, em maior produtividade. O número de folhas por planta (NF) apresentou formação de três grupos, demonstrando assim, haver diferença entre os genótipos avaliados, sendo que o genótipo um, apresentou o maior valor (38,22), portanto, superior ao encontrado por Silveira (2010), no mesmo período (24,75) e nas mesmas condições. Houve também a formação de três grupos para a variável NH, onde o genótipo um também foi superior, com 4,96 hastes. Resultado próximo foi encontrado em trabalho realizado por Peixoto et al. (2008), onde o maior valor encontrado foi de 5,5 hastes por planta. Segundo Silveira (2010) o aumento do número de ramificações secundárias e totais por planta, promove o aumento do número de ginóforos, o que poderá resultar na maior produção de legumes. As características morfológicas (AHP, DHP, NF e NH) de crescimento podem ser consideradas descritores importantes para a distinção de genótipos superiores, pois apresentaram diferenças estatísticas, com a formação de diferentes grupos, demonstrando assim haver variabilidade entre os genótipos avaliados, os quais, os agricultores o cultivam como se fossem apenas uma única variedade.

Tabela 3. Teste Scott-Knott para valores médios por planta das variáveis: altura da haste principal (AHP), diâmetro da haste principal (DHP), número de folhas (NF), número de hastes (NH), comprimento de legume (CL), diâmetro de legume (DL), número de grãos por legume (NGL), número de legumes (NL), número de grãos por planta (NG), massa fresca de legumes (MFL), massa seca de legumes (MSL) e massa seca de grãos (MSG), em genótipos de amendoim tipo vagem lisa.

GEN	AHP (cm)	DHP (cm)	NF	NH	CL (cm)	DL (cm)	NGL	NL	NG	MFL (g)	MSL (g)	MSG (g)
1	23,10 c	0,56 a	38,22 a	4,96 a	3,56 b	1,30 a	3,00 a	16,10 a	38,60 a	42,00 a	24,40 a	25,00 a
2	22,84 c	0,52 a	28,36 b	4,04 c	3,13 c	1,31 a	2,60 b	09,60 b	20,90 a	21,50 a	12,50 a	07,00 a
3	20,89 d	0,49 a	22,02 c	3,86 c	3,40 c	1,28 a	2,70 b	07,40 b	11,00 a	14,00 a	07,50 a	04,00 a
4	19,89 d	0,50 a	25,14 c	4,18 c	3,98 a	1,29 a	3,10 a	10,20 b	17,20 a	31,00 a	16,50 a	15,00 a
5	24,01 c	0,51 a	28,34 b	4,16 c	4,21 a	1,29 a	3,30 a	12,40 a	21,40 a	26,00 a	12,00 a	05,00 a
6	22,20 d	0,50 a	29,50 b	4,32 b	3,24 c	1,32 a	2,60 b	11,50 a	24,70 a	24,00 a	17,00 a	10,50 a
7	25,93 b	0,52 a	29,58 b	4,10 c	3,64 b	1,25 a	2,90 a	13,30 a	24,90 a	27,00 a	17,00 a	10,50 a
8	25,76 b	0,49 a	31,66 b	4,52 b	3,59 b	1,15 b	3,20 a	15,40 a	23,90 a	28,00 a	16,50 a	07,50 a
9	29,42 a	0,47 b	29,20 b	4,50 b	3,59 b	1,19 b	3,10 a	12,60 a	24,40 a	19,00 a	09,00 a	06,50 a
10	29,08 a	0,41 b	26,76 c	4,16 c	3,09 c	1,09 b	2,40 b	12,20 a	24,00 a	24,00 a	15,50 a	09,00 a
11	26,39 b	0,44 b	25,62 c	4,02 c	2,45 d	1,15 b	2,00 c	10,50 b	18,90 a	16,00 a	09,00 a	07,00 a
12	24,39 c	0,52 a	26,84 c	4,04 c	3,25 c	1,34 a	2,90 a	09,20 b	16,90 a	17,50 a	11,00 a	06,50 a
13	23,82 c	0,45 b	29,46 b	4,36 b	3,77 b	1,14 b	3,40 a	08,10 b	16,20 a	16,00 a	10,00 a	06,50 a
14	24,37 c	0,44 b	24,56 c	3,84 c	3,26 c	1,17 b	2,90 a	08,50 b	20,30 a	17,50 a	11,00 a	09,00 a
15	24,78 c	0,47 b	25,90 c	4,06 c	3,63 b	1,42 a	3,00 a	09,20 b	18,30 a	25,00 a	13,50 a	08,50 a
CV(%)	29,71	29,45	31,23	20,07	15,70	9,65	18,20	15,51	24,55	21,59	24,31	55,05
Erro Padrão	1,02	0,02	1,24	0,11	0,17	0,03	0,16	6,07	18,60	17,73	11,60	17,45

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

Na região do Recôncavo Bahiano é observado nos locais de comercialização do amendoim que existe uma grande variabilidade dos legumes vendidos na qual apresentam tamanho, diâmetro, forma e número de grão distintos. Esta observação pode ser confirmada pelos resultados apresentados na Tabela 3, por meio da análise morfológica dos legumes (CL, DL e NGL), quando aplicado o teste de análise de media Scott-Knott a 5% de probabilidade. Para o CL houve a formação de quatro grupos, tendo como comprimento máximo 4,21cm (genótipo cinco) e mínimo 2,45 cm (genótipo 11). Já, para a variável DL, houve apenas a formação de dois grupos, apresentando uma variação de 0,33 cm entre o valor máximo (1,32) e mínimo (1,09). Por sua vez, a variável NGL promoveu a formação de três grupos, sendo o genótipo 11, o que apresentou o menor valor observado, com apenas dois grãos por legume.

Diante dos resultados obtidos, as semelhanças das características de crescimento, pode se deduzir que a análise morfológica dos legumes por meio do seu comprimento, diâmetro e número de grãos, podem ser também indicadores de variabilidade entre genótipos estudados, pois, segundo Godoy et al. (2001) cultivares de amendoim podem ser diferenciadas pelo padrão comercial das vagens e pelo número de sementes por vagem.

O rendimento do amendoim é um caractere complexo que pode ser decomposto pelo número de planta por unidade de área e pelos componentes de produção da planta. Os componentes da produção da planta (NL, NG, MFL, MSL e MSG) dos diferentes genótipos de amendoim tipo Vagem Lisa estudados não apresentaram, em sua maioria, diferenças estatísticas entre si, a exceção do NL. Dessa forma, optou-se por apresentar apenas os genótipos que obtiveram os valores máximos e mínimos, dentre os componentes de rendimento avaliados (Tabela 3).

O conjunto dos resultados apresentados é, possivelmente, uma decorrência do equilíbrio entre os componentes do rendimento, devido aos efeitos de compensação entre eles.

Uma vez que o NL apresentou diferença significativa optou-se apresentá-lo em forma de gráfico (Figura 2), no qual o genótipo um apresentou melhor resultado tendo 16,1 legumes por planta, contudo não difere significativamente dos valores observados nos genótipos 5,6,7,8,9 e 10.

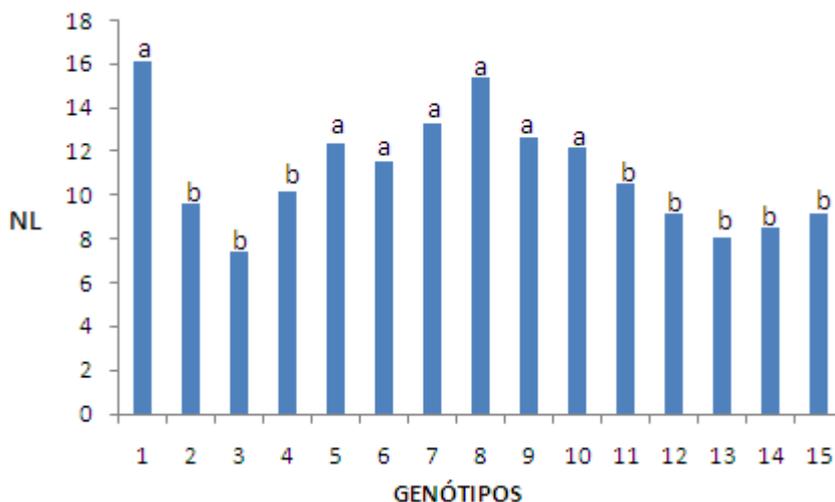


Figura 2: Teste Scott-Knott para as variáveis NL em amendoim tipo vagem lisa, Conceição do Almeida - Ba.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma. UPGMA é um método não-ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados (CRUZ; CARNEIRO, 2003). De acordo com o dendrograma (Figura 3) obtido pelo agrupamento dos genótipos, segundo as variáveis morfológicas de crescimento: AHP, DHP, NF e NH, e morfológicas do legume: CL, DL e NGL.

As variáveis que mais contribuíram para a dissimilaridade foram DHP (26,06%), NH (32,25%), DL (13,32%) e NGL (28,30%). As distâncias genéticas entre os pares de genótipos variaram de 0,29 (genótipos 11 e 13) e 2,52 (genótipos um e 14). Provavelmente a baixa distância genética encontrada entre os genótipos 11 e 13 se deva as características morfológicas DHP e DL que não apresentaram diferenças estatísticas no teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Um aspecto a ser observado é que não houve a formação de nenhum grupo por meio do ponto de fusão, entretanto o genótipo um apresentou um isolamento em relação aos demais genótipos. Siqueira (1993) e Carvalho (1994) sugerem que a explicação para a baixa diversidade entre populações de

locais distintos pode ser devida a sua origem a partir de uma população ancestral comum, ou ainda que essas populações possam ter sofrido ação antrópica, dispersão de frutos via animais e polinização cruzada.

As características que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos estudados foram: NH (32,25%), NL (28,30%) e DHP (26,06%).

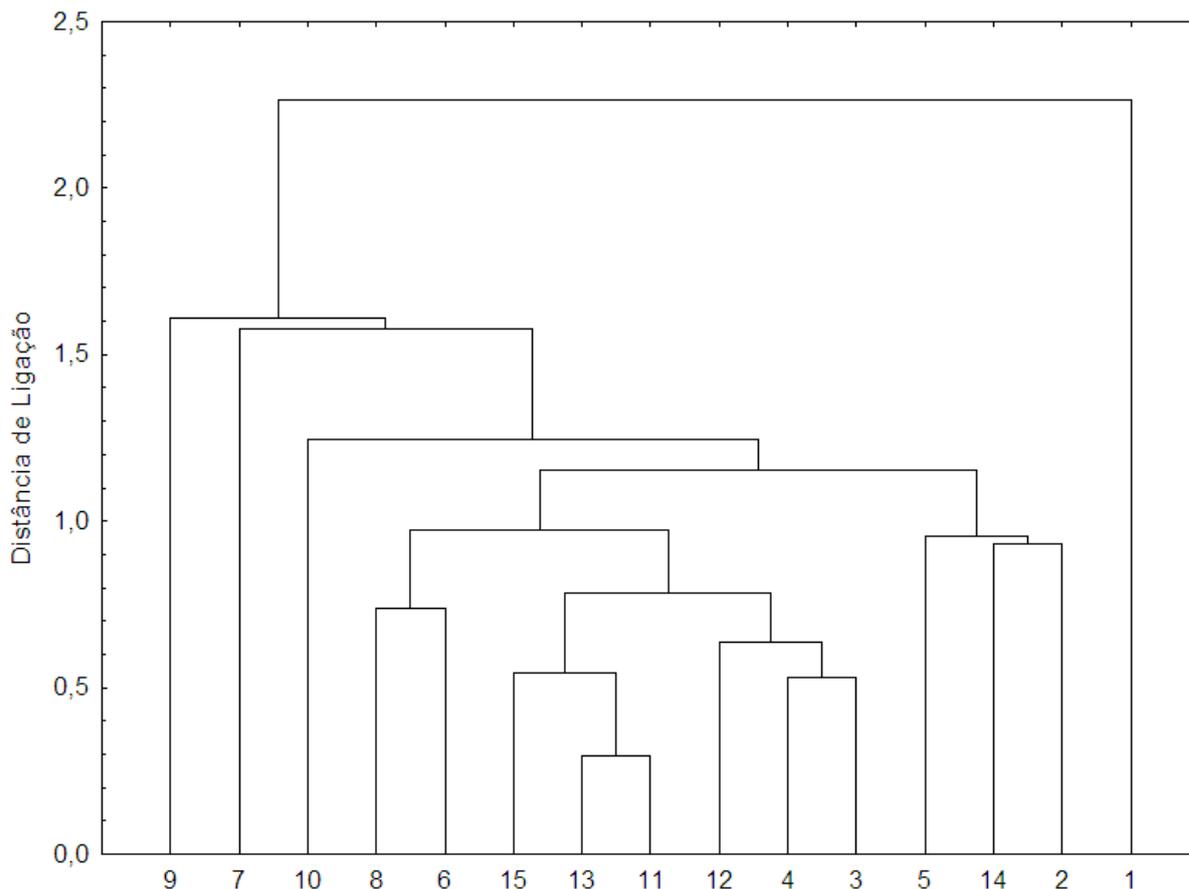


FIGURA 3. Dendrograma de dissimilaridade entre os 15 genótipos de amendoim, produzidos por agricultores familiares do Recôncavo Baiano, agrupados pelo método UPGMA, utilizando as seguintes variáveis AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (numero de folhas) e NH (numero de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (numero de grãos por legume)

A análise de agrupamento baseada no método de otimização de Tocher tem por objetivo a formação de grupos em que os valores das distâncias intragrupos sejam inferiores a quaisquer distâncias intergrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A aplicação do método de otimização Tocher permitiu identificar a formação de dois grupos distintos (Tabela 4) tendo concordância assim com o método de UPGMA que, embora não apresente a formação de grupos pelo ponto de fusão, tem o genótipo um como um grupo isolado dos demais, demonstrando que há baixa variabilidade entre os genótipos estudados. Uma causa provável para essa baixa variabilidade pode estar em polinizações cruzadas ou misturas físicas, e desta forma as análises das variáveis, pelo método UPGMA e Tocher apresentam baixa dissimilaridade entre os genótipos estudados.

Tabela 4 - Agrupamento de otimização entre 15 genótipos de amendoim, obtido pelo método Tocher, com base em oito características morfológicas¹, utilizando-se a distância Euclidiana média. Conceição do Almeida, Ba, Brasil, 2009

GRUPOS	GENÓTIPOS														
I	11	13	15	3	4	12	8	6	2	5	14	10	7	9	
II	1														

⁽¹⁾ AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (numero de folhas) e NH (numero de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (numero de grãos por legume)

CONCLUSÃO

A baixa variabilidade observada pode ser atribuída à mistura nas características morfológicas encontradas entre e dentro dos genótipos estudados, não permitindo indicar aos produtores os genótipos mais produtivos na Região do Recôncavo Baiano.

Embora os genótipos apresentem baixa variabilidade, mais estudos devem ser realizados visando identificar características que favoreçam a indicação de genótipos mais produtivos nos municípios avaliados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, O. A. **Informações meteorológicas do CNP**: Mandioca e Fruticultura Tropical. Cruz das Almas – BA: EMBRAPA-CNPMPF. 1999. 35p. (EMBRAPACNPMPF. Documentos, 34).

CARNEIRO, M. S. **Influência do espaçamento no desenvolvimento do amendoim, cultivar Runner IAC 886**. 2006. Monografia (Graduação em Agronomia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira**. Colombo: EMBRAPA-CNPFP; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. p. 199-204

CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.: **condução de populações no melhoramento genético de plantas**, Pelotas: UFPel. Ed. Universitária, p.41-48. 2008.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.103-165

CRUZ, C.D. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística experimental (software). Viçosa: UFV, 2006.

GODOY, I.J.; MORAES, S.A.; ZANOTTO, M.D.; SANTOS, R.C. Melhoramento do amendoim. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.54-95 GOMES, F.P. *Curso de estatística experimental*. 14.ed. Piracicaba: F.P. Gomes, 2000.

GONÇALVES, J. A.; PEIXOTO, C. P.; LEDO, C. A. S.; PEIXOTO, M. F. S. P.; SAMPAIO, H. S. V.; SAMPAIO, L. S. V.; ALMEIDA, N. S. Componentes de produção e rendimento de amendoim em diferentes arranjos espaciais no

Recôncavo Baiano. **Revista Brasileira Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 8, n. 2/3, p. 801-812, 2004.

GONÇALVES, J. A. **Arranjo espacial no crescimento e rendimento de amendoim em duas épocas de semeadura no Recôncavo Baiano**. 2004. 97p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal da Bahia.

HEIFFIG, L. S. **Plasticidade da cultura da soja (*Glycyne Max (L.) Merrill*) em diferentes arranjos espaciais**. 2000. 85p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

KNAUFT, D.A.; CHIYEMBEKEZA, A.J; GORBET, D.W. **Possible reproductive factors contributing to outcrossing in peanut (*Arachis hypogaea L.*)**. **Peanut Science**, v.19, n.1, p.29-31. 1992.

NAKAGAWA, J. *et al.* Efeito da densidade de semeadura na produção de amendoim. **Pesqui. Agropecu. Bras.**, Brasília, v. 29, n. 10, p. 1547-1555. 1994.

NAKAGAWA, J. *et al.* Efeitos da densidade de semeadura na produção de vagens de amendoim. **Cientifica**, v. 1, n. 11, p. 79-86, 1983.

NOGUEIRA, R.J.M.C.; TÁVORA, F.J.A.F. Ecofisiologia do amendoim (*Arachis hypogaea L.*). In: SANTOS, R.C. dos (Ed.) **O Agronegócio do Amendoim no Brasil**. Ed. Campina Grande-PB: EMBRAPA, 2005, p. 16-44.

NORDEN, A.J. Breeding of the cultivated peanut (*Arachis hypogaea L.*). In: Peanuts-culture and uses. **American Peanut Research and Education Assoc.** Stillwater, Oklahoma, USA. 1973. p.175-208.

PEIXOTO, C. P. **Análise de crescimento e produtividade de três cultivares de soja em três épocas de semeadura e três densidades de plantas**. 1998. 151f.

Tese (Doutorado em Fitotecnia), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PEIXOTO, C. P.; GONCALVES, J. A.; PEIXOTO, M. F. S. P.; CARMO, D. O. Características agronômicas e produtividade de amendoim em diferentes espaçamentos e épocas sementeira no Recôncavo Baiano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.

SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H.; DUARTE, J.M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A.; BRITO, S. F.; MORAES, J. S. Fenologia de genótipos de amendoim dos tipos botânicos Valência e Virgínia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n.6, p.607- 612, 1997.

SILVEIRA, P.S. **Época de sementeira e densidade de plantas em cultivares de amendoim no recôncavo sul baiano** . 2010. 112p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

SIQUEIRA, C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação dos recursos genéticos ex situ do cumbaru *Dipteryx alata* Vog. – Leguminosae. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-243, 1993.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512, 1974

CAPITULO 2

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA EM GENÓTIPOS PRÉ SELECIONADOS DE AMENDOIM DO TIPO VAGEM LISA NO RECÔNCAVO BAIANO²

²Artigo submetido ao comitê editorial do periódico científico Revista Bragantia

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AMENDOIM

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi avaliar os genótipos selecionados (GS), de genótipos originais (GO), coletados de pequenos agricultores em diversos municípios do Recôncavo Baiano, mais promissores para futuros programas de melhoramento por meio do teste de medias Scott-Knott a 5% de probabilidade, e a sua variabilidade por meio dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA. O trabalho foi realizado em área experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, no município de Cruz das Almas, BA, situado no Recôncavo Baiano, em um delineamento inteiramente casualizado com parcelas subdivididas no tempo, utilizando-se cinco plantas por linha. Para as análises morfológicas de crescimento procedeu-se o método não destrutivo a partir do 21º dia após a emergência e para as análises morfológicas do legume e de produção, aos 96 dias após emergência. Todas as características expressaram diferenças significativas, indicando que os materiais vegetais estudados são agronomicamente diferentes para as variáveis analisadas, sendo que o comprimento de legume (CL) foi o que apresentou a maior variabilidade. Conclui-se que os métodos de agrupamento Tocher e UPGMA são eficientes para identificar variabilidade, formando grupos distintos. Os genótipos selecionados (GS), 5.2, 6.2, 13.2 e 14.1 foram os que apresentaram os melhores indicativos para os critérios avaliados, podendo assim, serem indicados para futuros programas de melhoramento.

Palavra-chave: *Arachis hypogaea* L, morfologia, dissimilaridade, componentes de produção

EVALUATION OF MORPHOLOGICAL VARIABILITY AND SELECTION OF SUPERIOR GENOTYPES OF PEANUT

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate selected genotypes (GS), from unique genotypes (GO), collected from small farmers in several counties of Recôncavo Baiano, most promising to future breeding programs through the test of Scott-Knott averages 5% probability and its variability through the clustering methods of Tocher and UPGMA. The work was conducted at experimental, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, in Cruz das Almas, Ba, located in the Recôncavo Baiano, in a completely randomized design with split plot, with five plants per row. For morphological analysis of growth proceeded the non-destructive method from the 21th day after emergence and for the analysis of morphological and vegetable production, 96 days after emergence. All features expressed significant differences, indicating that the plant materials studied are agronomically different to the variables analyzed, and the length of legume (CL) showed the most variability. Concludes that clustering methods UPGMA and Tocher are efficient to identify variability, forming distinct groups. The selected genotypes (GS) 5.2, 6.2, 13.2 and 14.1 showed the best predictors to all criteria, and may thus be suitable for future breeding programs.

Keywords: *Arachis hypogaea* L, morphology, dissimilarity, yield components

INTRODUÇÃO

O estudo de diversidade genética em germoplasma pode ser procedido em vários níveis, através da caracterização dos acessos utilizando-se descritores agrônômicos, bioquímicos, nutricionais e moleculares. Na espécie *A. hypogaea*, vários são os descritores que podem ser utilizados para caracterizar seus acessos. Alguns deles, contudo, por apresentarem pequena variação morfológica, oferecem pouca contribuição aos propósitos da curadoria.

Os procedimentos da seleção não criam variabilidade genética, apenas atuam na existente. A variabilidade é criada a partir da hibridação, entretanto, não deve ser esquecido que características indesejáveis estão freqüentemente ligadas a outras de valores econômico-cultural e que, enquanto algumas cultivares melhoradas são produzidas, uma forte pressão de seleção é responsável pela diversidade da erosão genética, contribuindo para a extinção de velhas variedades.

A análise de crescimento é um método que descreve as condições morfofisiológicas da planta em diferentes intervalos de tempo entre duas amostras sucessivas (BENINCASA, 2003). Sendo assim, dependendo do ciclo da cultura (curto ou longo), este será avaliado em intervalos de tempos iguais entre si, de modo que, pelo menos seis a sete medidas sejam tomadas de cada valor primário em um grupo de plantas, por unidade experimental (SILVA et al., 2000). A análise de crescimento não destrutiva visa estudar o aumento dos fitossistemas, sem destruir as plantas e, assim, os mesmos indivíduos podem ser mensurados durante o ciclo biológico, tendo como valores primários a altura de plantas, o diâmetro caulinar e a área foliar. Esse método tem sido bastante utilizado para a investigação do efeito de fenômenos ecológicos sobre o crescimento como adaptabilidade de espécies em ecossistemas diversos, efeito de competição de cultivares e influência de práticas agrônômicas sobre o crescimento dos vegetais (SILVA et al, 2000).

Na região Nordeste, o segundo maior pólo consumidor de amendoim, o mercado se divide em amendoim verde, vendido na vagem (Sergipe e parte da Bahia) e seco (restante da região). Para o primeiro, a colheita do produto é feita

entre 70 a 75 dias. A vantagem desse tipo de cultivo para o agricultor é que a cultura permanece menos tempo no solo correndo menor risco frente às freqüentes intempéries. Ainda em relação ao amendoim verde, o custo de cultivo é menor por não ser necessário fazer a secagem e o beneficiamento e o retorno de capital investido é mais rápido com relação ao produto colhido seco. Do ponto de vista econômico, o preço do produto verde se equipara ao comercializado seco, mesmo considerando que cerca de 40% do peso das vagens é de umidade. Para o mercado de amendoim seco, a colheita é realizada entre 100-110 dias e o produto é comercializado cozido (20%) ou torrado (80%), principalmente em feiras livres ou ainda transformado em subprodutos pelas indústrias de alimentos.

Dentre os tipos preferidos pelos agricultores do recôncavo Baiano está o Valência, por ser de porte ereto, facilitando a colheita manual; as vagens possuem três a quatro sementes de película vermelha. Estas características contribuem para que o amendoim do tipo Valência também apresente maior aceitação no mercado nacional (FREIRE 1997). Neste grupo, encontra-se o amendoim do tipo Vagem Lisa, que em decorrência de misturas físicas e genéticas, apresenta grande variabilidade entre as características morfológicas, dentro e entre os genótipos, e seus níveis de produtividade são aquém do potencial esperado.

Uma vez que tais materiais são amplamente utilizados pelos agricultores, há necessidade de estudos que busquem a homogenização dos genótipos, de forma que os mesmos possam expressar um melhor desempenho produtivo. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos com maiores tendência a homogeneidade, visando a obtenção de materiais superiores, que proporcionem maiores produtividades.

MATERIAL E METÓDOS

O trabalho foi instalado na área experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, no município de Cruz das Almas, Recôncavo Baiano, nas coordenadas geográficas 39°06'23" de longitude oeste e 12°40'39" de latitude sul, com altitude de 220 m. O clima é tropical quente e úmido, com pluviosidade média anual de

1170 mm, com variações entre 900 e 1300 mm, sendo os meses de março a agosto os mais chuvosos e de setembro a fevereiro os mais secos. A temperatura média anual de 24,5° C e umidade relativa de 80% (REZENDE, 2004). O solo é classificado como Latossolo Amarelo Álico distrocoeso, de textura argilosa e relevo plano (RIBEIRO et al., 1995).

Realizou-se uma coleta de 15 genótipos de amendoim, do tipo Vagem Lisa, cultivados por pequenos agricultores no Recôncavo Baiano e também do município de Feira da Santana/BA, que embora esteja fora dessa Região (Tabela 1), utiliza genótipos provenientes do recôncavo Baiano. Foram coletados amostras de aproximadamente 1,0 kg de legume por genótipo, os quais foram adquiridos em julho de 2008 e multiplicados em outubro do mesmo ano. Após o término do ciclo os genótipos foram colhidos e armazenados.

Em março de 2009, esses genótipos foram semeados no campo, sendo acompanhado o seu desenvolvimento, até o período da colheita. As plantas de cada linha foram agrupadas de acordo com as características morfológicas do legume (numero de legumes, tamanho de legume, quantidade de grãos por legume e coloração do grão), formando assim 29 grupos a partir dos 15 genótipos coletados (Tabela 2). Vale ressaltar que as plantas que apresentaram características indesejáveis, como ataque de patógenos e baixa produtividade, foram descartadas.

Tabela1. Genótipos coletados na região do recôncavo Baiano e no município de Feira de Santana/BA, 2008.

GENÓTIPO	LOCAL DE COLETA
1	Conceição do Almeida
2	Cruz das Almas
3	Cabaceiras do Paraguaçu
4	São Felipe: Serra da Copioba
5	Cruz das Almas: Mombaça
6	Conceição do Almeida
7	Conceição do Almeida
8	Conceição do Almeida
9	Feira de Santana*
10	Feira de Santana*
11	São Felipe
12	Cruz das Almas: Escola de Agronomia
13	EBDA (sem identificação)
14	EBDA (sem identificação)
15	Conceição do Almeida

* Apesar dessa cidade não pertencer ao Recôncavo Baiano, os genótipos utilizados são provenientes do Recôncavo.

Tabela 2. Numero de genótipos selecionados por características morfológicas originados por seleção dos genótipos originais

Genótipos originais	Genótipos Selecionado	nº de genótipos formados
1	1.1; 1.2; 1.3	3
2	2.1; 2.2	2
3	3.1; 3.2	2
4	4.1; 4.2	2
5	5.1; 5.2	2
6	6.1; 6.2	2
7	7.1; 7.2	2
8	8.1	1
9	9.1; 9.2	2
10	10.1; 10.2; 10.3	3
11	11.1; 11.2	2
12	12.1; 12.2	2
13	13.1; 13.2	2
14	14.1	1
15	15.1	1
TOTAL		29

Em decorrência de problemas fitossanitários, optou-se por utilizar apenas 20 genótipos selecionados (GS). Após a colheita, os legumes foram secados ao

sol e os grãos sadios foram selecionados e armazenados para o plantio em março de 2010. Para as análises, cada genótipo foi semeado em linhas individuais de 5,0 m por 0,5 m entre linhas e 0,1 m entre plantas, em um delineamento inteiramente casualizado com parcelas subdivididas no tempo, utilizando-se cinco plantas por linha. Foi realizada uma análise de solo, entretanto, nenhum tipo de correção foi feita para que não houvesse diferença entre os métodos utilizados pelos agricultores.

Os grupos foram identificados pelo primeiro numero representando o genótipo de origem (GO), seguidos de ponto e o segundo numero, correspondendo a sequência de grupos formados (GF). Para as análises de crescimento, em decorrência do número limitado de indivíduos, procedeu-se o método não destrutivo, com avaliações quinzenais a partir do 21º dia após emergência (DAE) até o final do ciclo. Para isso, foram selecionadas e marcadas com fitilho cinco plantas ao acaso dentro de cada linha (Figura 2). Foram analisadas individualmente as seguintes variáveis: altura da haste principal (AHP), diâmetro da haste principal (DHP), número de folhas (NF) e número de ramificações (NR). A altura da planta foi determinada com o auxílio de uma régua graduada em centímetros, como a distância compreendida entre a superfície do solo e a extremidade haste principal. O diâmetro da haste principal foi aferido com o auxílio de um paquímetro, tomando como base o colo da planta. O número de folhas bem como o de ramificações foi obtido por contagem direta.

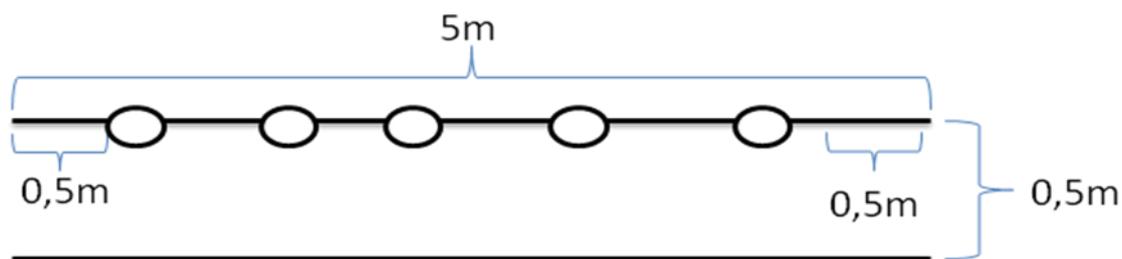


Figura 2. Disposição das linhas em campo e seus respectivos espaçamentos

A determinação dos componentes de produção da planta foi realizada aos 96 DAE, onde foi feita a colheita das cinco plantas marcadas, das quais foram selecionados cinco legumes ao acaso por planta, avaliando-se: comprimento de

legume (CL-cm), diâmetro de legume (DL-cm) e número de grãos por legume (NG/L) e a produtividade por planta (g planta^{-1}). Ressalta-se que, para avaliar a produtividade foram observadas as seguintes variáveis: número de legumes (NL), massa fresca de legume (MFL-g), massa seca de legume (MSL-g) e massa seca de grão (MSG-g). Os dados foram submetidos à análise de variância e os valores médios foram ordenados segundo o teste de agrupamento Scott-Knott (SCOTT; KNOTT, 1974), a 5% de probabilidade.

Os dados foram analisados utilizando-se os recursos computacionais dos programas SISVAR versão 4.3. Os programas Genes e Statistica 7 foram utilizadas para as análises de dissimilaridade.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A avaliação das médias, segundo do teste Scott-Knott a 5% de probabilidade, para as análises morfológicas de crescimento nos genótipos selecionados (GS), demonstram haver diferenças significativas entre eles com a formação de quatro grupos para a altura da haste principal (AHP), tendo o genótipo 14.1 como superior (Tabela 2). Pode-se observar que genótipos provenientes de um genótipo em comum, genótipo de origem (GO), como exemplo, o 2.1 e o 2.2 que são formados por meio do genótipo dois, apresentaram diferenças estatísticas entre si, o mesmo pode se observar entre os genótipos 5.1, 5.2, 7.1, 7.2. 13.1 e 13.2. A seleção com base em características morfológicas dos legumes, a qual promoveu a formação de grupos distintos, onde se pode observar um acréscimo nos valores médios da AHP em todos os genótipos, com exceção dos cinco e sete, que apresentam AHP de 24,01 cm e 25,93 cm, respectivamente, no GO e que após a seleção, houve redução, nos respectivos GF 5.1 e 7.2, com valores de 22,03 cm e 23,00 cm.

Ainda para a variável AHP, muitos autores apresentam dados discrepantes, provavelmente devido à falta de homogeneização dos materiais utilizados. Segundo Santos (2000), nas plantas do grupo Valencia, ao qual pertence o cultivar Vagem lisa, a altura final mede em torno de 45,0 cm. Difere ainda, de valores encontrados por Gonçalves (2004) e Peixoto et al. (2008) nas condições do Recôncavo Baiano para a genótipos do tipo Vagem Lisa.

Para o diâmetro da haste principal (DHP), houve a formação de três grupos distintos nos genótipos selecionados (GS), sendo os genótipos 3.1 (0,604 cm), 5.2 (0,584 cm), 9.1 (0,572 cm) e 14.1 (0,564 cm) superiores. Também para esta característica, pode-se observar que genótipos provenientes de um genótipo comum (GO) como os 2.1, 2.2, 3.1, 3.2, 4.1, 4.2, 5.1, 5.2, 6.1, 6.2, 7.1 e 7.2, apresentaram diferenças estatísticas entre si, indicando a existência de variabilidade nas características morfológicas no genótipo de origem (GO), que foi detectado pelo processo de seleção realizado. Plantas com maior diâmetro apresentam maior sobrevivência, principalmente pela maior capacidade de formação e de crescimento de novas raízes (CARNEIRO, 2006), sendo muito importante a seleção de genótipos com maiores valores para esta característica.

O número de folhas (NF) não apresentou diferença estatística nos genótipos selecionados (GS), provavelmente em decorrência de fatores ambientais. Embora não tenham apresentado diferenças significativas, a formação dos GS promoveu um acréscimo nos valores médios do NF em todos os genótipos, com exceção dos genótipos 7.2, que apresentou uma pequena redução. Sendo as folhas, as estruturas responsáveis pela interceptação da energia radiante para o processo fotossintético, o coeficiente de absorção de luz por uma cultura é resultante da arquitetura das plantas e, isso vai depender da quantidade de folhas que a mesma possui. As plantas com maior número de folhas e bem distribuídas (maior área foliar) apresentam maior captação da energia solar, podendo refletir em maior produção de massa seca e, conseqüentemente, em maior produtividade (HEIFFIG, 2000).

Se observa ainda na Tabela 2, que o número de hastes (NH) apresentou a formação de três grupos tanto nos genótipos originais (GO) quanto nos genótipos selecionados (GS), sendo os maiores valores observados nos GS 1.3, 2.2, 3.2, 6.2, 12.2 e 14.1, com 6,48, 6,84, 6,32, 7,12, 6,76 e 6,64, respectivamente. Assim, como observado na variável AHP, alguns genótipos que apresentavam valores superiores nos GO apresentaram valores inferiores nos GS e vice-versa. Resultado máximo encontrado no GS 6.2 (7,12 hastes), diverge dos encontrados por Peixoto et al. (2008) e Silveira (2010), onde o maior valor encontrado foi de 5,5 e 4,92 hastes por planta, respectivamente. Segundo Silveira (2010) o aumento do número de ramificações secundárias e totais por planta, promove o aumento

do número de ginóforos, o que poderá resultar na maior produção de legumes. O genótipo 14.1 apresentou valores superiores aos demais, em todas as características morfológicas de crescimento observadas, podendo se inferir que este GS possui potencial para ser indicado e inserido em programas de melhoramento que visem obter genótipos com maior potencial para produção de biomassa.

Tabela 2. Teste Scott-Knott para valores médios por planta das variáveis: AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (numero de folhas) e NH (numero de hastes), em genótipos de amendoim tipo vagem lisa.

Genótipo de Origem (GO)				
GEN	AHP (cm)	DHP (cm)	NF	NH
1	23,10 c	0,56 a	38,22 a	4,96 a
2	22,84 c	0,52 a	28,36 b	4,04 c
3	20,89 d	0,49 a	22,02 c	3,86 c
4	19,89 d	0,50 a	25,14 c	4,18 c
5	24,01 c	0,51 a	28,34 b	4,16 c
6	22,20 d	0,50 a	29,50 b	4,32 b
7	25,93 b	0,52 a	29,58 b	4,10 c
8	25,76 b	0,49 a	31,66 b	4,52 b
9	29,42 a	0,47 b	29,20 b	4,50 b
10	29,08 a	0,41 b	26,76 c	4,16 c
11	26,39 b	0,44 b	25,62 c	4,02 c
12	24,39 c	0,52 a	26,84 c	4,04 c
13	23,82 c	0,45 b	29,46 b	4,36 b
14	24,37 c	0,44 b	24,56 c	3,84 c
15	24,78 c	0,47 b	25,90 c	4,06 c
CV(%)	29,71	29,45	31,23	20,07
Erro Padrão	1,02	0,02	1,24	0,11
Genótipos Selecionados (GS)				
GEN	AHP (cm)	DHP (cm)	NF	NH
1.1	27,42 c	0,53 b	39,80 a	4,84 c
1.3	27,78 c	0,54 b	35,76 a	6,48 a
2.1	26,78 c	0,51 c	33,96 a	5,88 b
2.2	23,01 d	0,54 b	35,84 a	6,84 a
3.1	24,22 d	0,60 a	29,72 a	3,96 d
3.2	23,50 d	0,51 c	37,40 a	6,32 a
4.1	27,56 c	0,54 b	31,96 a	4,64 c
4.2	25,96 c	0,49 c	35,04 a	6,00 b
5.1	22,03 d	0,52 c	31,92 a	5,56 b
5.2	31,92 b	0,58 a	37,56 a	6,04 b
6.1	26,08 c	0,51 c	32,12 a	4,64 c

Tabela 2 – Cont.

GEN	AHP (cm)	DHP (cm)	NF	NH
6.2	26,54 c	0,54 b	42,68 a	7,12 a
7.1	26,98 c	0,54 b	40,80 a	4,64 c
7.2	23,00 d	0,52 c	28,20 a	4,64 c
8.1	28,96 c	0,54 b	35,08 a	5,88 b
9.1	27,88 c	0,57 a	32,76 a	5,52 b
12.2	27,62 c	0,53 b	34,16 a	6,76 a
13.1	26,78 c	0,50 c	35,16 a	6,00 b
13.2	31,66 b	0,50 c	36,24 a	5,52 b
14.1	35,98 a	0,56 a	53,84 a	6,64 a
CV%	10,79	8,86	38,71	17,13
Erro padrão	0,584	0,009	1,393	0,195

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

As características morfológicas do legume, apresentaram diferenças significativas tanto entre os genótipos de origem (GO) quanto para os genótipos selecionados (GS) (Tabela 3). Observa-se que a variável comprimento de legume (CL) promoveu a formação de cinco grupos distintos, formando um grupo a mais em relação aos GO, sendo o GS 5.2, o que apresentou maior comprimento (4.39 cm). Observam-se também diferenças entre genótipos que possuem uma origem comum como exemplo, 1.1 e 1.3, que embora originados do mesmo genótipo, apresentaram diferenças em relação ao comprimento de legume, o que indica haver variabilidade dentro do genótipo de origem para esta característica utilizada como critério de seleção.

Para o diâmetro de legume (DL) houve a formação de três grupos nos GS, sendo o genótipo 6.1, o que apresentou o maior diâmetro de legume (1,39 cm). Houve também a formação de um grupo a mais em relação aos genótipos de origem. Observam-se ainda, diferenças entre genótipos que possuem uma origem comum como exemplo, 7.1 e 7.2, que originados do mesmo genótipo, apresentaram diferenças em seu diâmetro, o que indica também haver variabilidade dentro do genótipo de origem para esta característica utilizada como critério de seleção.

Para a variável NG/L houve a formação de três grupos nos genótipos selecionados, coincidindo com os GO, tendo como GS de maior valor o 14.1, com 3,48 grãos por legume. Da mesma forma que nas características anteriores, foram encontradas diferenças entre genótipos que possuem a mesma origem,

como exemplo, 3.1 e 3.2, que apresentaram diferenças no número de grãos por legume, o que indica também haver variabilidade dentro do genótipo de origem. As características morfológicas do legume, como critério de seleção na formação de grupos, indicaram possibilidades de serem utilizadas como ferramentas para a sua utilização em programas de pré-melhoramento, pois promoveram um aumento da variabilidade entre as características avaliadas.

Tabela 3. Teste Scott-Knott para as variáveis: CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume) e NGL (numero de grãos por legume), em legumes de amendoim tipo vagem lisa.

Genótipo de Origem (GO)			
GEN	CL (cm)	DL (cm)	NG/L
1	3,56 b	1,30 a	3,00 a
2	3,13 c	1,31 a	2,60 b
3	3,40 c	1,28 a	2,70 b
4	3,98 a	1,29 a	3,10 a
5	4,21 a	1,29 a	3,30 a
6	3,24 c	1,32 a	2,60 b
7	3,64 b	1,25 a	2,90 a
8	3,59 b	1,15 b	3,20 a
9	3,59 b	1,19 b	3,10 a
10	3,09 c	1,09 b	2,40 b
11	2,45 d	1,15 b	2,00 c
12	3,25 c	1,34 a	2,90 a
13	3,77 b	1,14 b	3,40 a
14	3,26 c	1,17 b	2,90 a
15	3,63 b	1,42 a	3,00 a
CV(%)	15,70	9,65	18,20
Erro Padrão	0,17	0,03	0,16
Genótipos Seleccionados (GS)			
GEN	CL (cm)	DL (cm)	NG/L
1.1	3,19 d	1,36 a	2,88 a
1.3	3,96 b	1,32 a	3,08 a
2.1	2,95 d	1,12 c	2,68 b
2.2	3,32 c	1,36 a	3,04 a
3.1	2,95 d	1,26 a	2,28 c
3.2	3,75 c	1,35 a	3,00 a
4.1	2,99 d	1,08 c	2,68 b
4.2	3,11 d	1,06 c	2,20 c
5.1	3,51 c	1,37 a	2,96 a
5.2	4,39 a	1,35 a	3,00 a
6.1	2,95 d	1,39 a	3,12 a
6.2	3,60 c	1,33 a	3,08 a
7.1	3,48 c	1,35 a	2,88 a

Tabela 3 – Cont.

GEN	CL (cm)	DL (cm)	NG/L
7.2	2,71 e	1,11 c	2,16 c
8.1	3,52 c	1,31 a	3,32 a
9.1	2,78 e	1,25 a	2,52 b
12.2	2,86 e	1,38 a	2,72 b
13.1	3,56 c	1,22 b	3,16 a
13.2	3,48 c	1,30 a	3,04 a
14.1	3,58 c	1,21 b	3,48 a
CV%	14,04	13,52	23,16
Erro Padrão	0,09	0,03	0,13

*Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

Os componentes de produção número de legumes (NL) e número de grãos (NG), bem como o rendimento expresso em matéria fresca de legume (MFL), matéria seca de legume (MSL) e matéria seca de grãos (MSG) são apresentados na Tabela 4. Pode-se observar que as variáveis dos grupos de origem (GO), com exceção do NL, não apresentaram diferenças estatísticas entre os genótipos, o que provavelmente, se deva a mistura física que os mesmos apresentavam, fazendo com que os seus valores médios fossem próximos. Entretanto, nos genótipos selecionados (GS), todas as variáveis apresentaram diferenças significativas, indicando que essa mistura foi reduzida em decorrência dos critérios de seleção aplicados.

Para o número de legumes por planta (NL), houve a formação de dois grupos, sendo que o GS 14.1, foi superior aos demais, com a produção de 30 legumes por planta, proporcionando um incremento de 21,5 legumes, em relação ao genótipo do qual foi originado (GO), demonstrado assim, a importância da seleção realizada, promovendo maior uniformidade do material. O resultado encontrado no GS para a variável NL apresentou valor superior aos encontrados por Gonçalves (2004) com 14,16 legumes por planta Silveira (2010), com 9,67 legumes por planta, ambos utilizando o genótipo Vagem Lisa.

O número de grãos por planta (NG) apresentou também a formação de dois grupos, tendo como genótipo superior o GS 14.1 com 75,8 grãos por planta, representando um acréscimo em relação ao GO de 55,5 grãos. Resultados obtidos por Gonçalves (2004) e Silveira (2010), utilizando o genótipo vagem lisa,

apresentaram valores inferiores aos encontrados no GS 14.1 para a variável NG, com 38,00 e 23,18 grãos por planta, respectivamente.

Para a variável MFL, observou-se a formação de três grupos sendo o GS 14.1 o que apresentou maior valor médio com 75,42 g, ou seja, 57,9 g a mais do que o genótipo que o originou. Silveira (2010) utilizando o genótipo Vagem Lisa, obteve valor bem inferior (48,18 g), valores próximos foram obtidos por Gonçalves (2004) e Peixoto (2008). A massa fresca de legume (MFL) é uma variável importante, pois é uma das formas mais comercializadas de amendoim no Recôncavo Baiano. Dessa forma, constitui um importante critério de seleção, uma vez que seus resultados podem inferir em melhores genótipos para serem comercializados.

Para a característica MSL, houve a formação de dois grupos distintos, sendo que o GS 14.1 apresentou o maior valor de 36,60 g, seguido dos genótipos 1.1, 4.2, 5.2, 6.2, 7.1, 8.1 e 13.2. Pode-se observar nesta variável, que os genótipos após seleção, promoveram diferenças estatísticas como exemplo, o GS 1.1 e 1.3, que pertenciam a um genótipo em comum. Silveira (2010) utilizando o genótipo Vagem Lisa, obteve valor de 11,62 g de legume seco por planta sendo inferior aos encontrados para todos os genótipos selecionados. Valores inferiores também foram encontrados por Gonçalves (2004) e Peixoto (2008). A massa seca de legume (MSL) é uma variável que não tem valor comercial para consumo no Recôncavo Baiano, mas é muito importante para a comercialização visando à produção de sementes, uma vez que nesta Região o agricultor utiliza o legume como forma de armazenamento das sementes, para plantios posteriores.

A variável MSG, que é uma das formas comercializadas na região do Recôncavo Baiano, apresentou a formação de dois grupos distintos e cinco GS superiores aos demais (5.2, 6.2, 7.1, 8.1, 13.2 e 14.1), apresentando valores de 21,14, 18,34, 18,14, 18,74, 16,32 e 27,76 g por planta, respectivamente. Assim como ocorreu para a variável MSL, também houve genótipos pertencentes ao mesmo GO, que apresentaram valores estatisticamente distintos entre eles. O GF 14.1 apresentou valor superior ao encontrado por Silveira (2010) utilizando o genótipo do tipo Vagem Lisa, para a variável matéria seca de grão com valor de 7,24 g por planta.

A seleção de genótipos utilizando características morfológicas como critério, apresenta valores de produção superiores aos genótipos que não são submetidos a tal seleção, como é observado no GO, como poderá também ser observado em vários trabalhos (GONÇALVES, 2004; PEIXOTO, 2008; SILVEIRA, 2010). Isso demonstra que há uma mistura nos genótipos do tipo Vagem Lisa utilizados no Recôncavo Baiano, havendo assim a necessidade de seleção para o melhor aproveitamento destes genótipos no sistema de produção.

Tabela 4. Teste Scott-Knott para valores médios por planta das variáveis: NL (numero de legumes), NG (numero de grãos), MFL (matéria fresca de legume), MSL (matéria seca de legume) e MFG (matéria fresca de grão), em genótipos de amendoim tipo vagem lisa.

Genótipo de Origem (GO)					
GEN	NL	NG	MFL (g)	MSL (g)	MSG (g)
1	16,10 a	38,60 a	42,00 a	24,40 a	25,00 a
2	9,60 b	20,90 a	21,50 a	12,50 a	7,00 a
3	7,40 b	11,00 a	14,00 a	7,50 a	4,00 a
4	10,20 b	17,20 a	31,00 a	16,50 a	15,00 a
5	12,40 a	21,40 a	26,00 a	12,00 a	5,00 a
6	11,50 a	24,70 a	24,00 a	17,00 a	10,50 a
7	13,30 a	24,90 a	27,00 a	17,00 a	10,50 a
8	15,40 a	23,90 a	28,00 a	16,50 a	7,50 a
9	12,60 a	24,40 a	19,00 a	9,00 a	6,50 a
10	12,20 a	24,00 a	24,00 a	15,50 a	9,00 a
11	10,50 b	18,90 a	16,00 a	9,00 a	7,00 a
12	9,20 b	16,90 a	17,50 a	11,00 a	6,50 a
13	8,10 b	16,20 a	16,00 a	10,00 a	6,50 a
14	8,50 b	20,30 a	17,50 a	11,00 a	9,00 a
15	9,20 b	18,30 a	25,00 a	13,50 a	8,50 a
CV%	15,51	24,55	21,59	24,31	55,05
Erro Padrão	6,07	18,60	17,73	11,60	17,45
Genótipos Selecionados (GS)					
GEN	NL	NG	MFL (g)	MSL (g)	MSG (g)
1.1	17,60 b	37,40 b	46,48 b	23,38 a	15,32 b
1.3	12,00 b	27,40 b	36,16 c	19,60 b	13,34 b
2.1	11,80 b	27,40 b	31,38 c	16,64 b	11,68 b
2.2	10,80 b	26,00 b	30,82 c	16,00 b	10,80 b
3.1	13,00 b	24,00 b	31,70 c	16,78 b	10,16 b
3.2	14,20 b	35,40 b	29,82 c	20,52 b	13,82 b
4.1	12,40 b	30,40 b	27,54c	18,34 b	8,92 b
4.2	13,20 b	33,00 b	37,66 c	22,32 a	15,28 b

Tabela 4 – Cont.

GEN	NL	NG	MFL (g)	MSL (g)	MSG (g)
5.1	14,60 b	32,40 b	42,34 b	20,69 b	14,25 b
5.2	15,60 b	42,60 b	54,80 b	30,98 a	21,14 a
6.1	12,80 b	31,20 b	28,74 c	16,62 b	11,96 b
6.2	15,80 b	40,60 b	43,78 b	25,64 a	18,34 a
7.1	19,20 b	44,60 b	50,66 c	25,70 a	18,14 a
7.2	11,20 b	26,00 b	28,98 c	15,86 b	10,66 b
8.1	16,60 b	45,20 b	47,22 c	26,32 a	18,74 a
9.1	14,80 b	27,00 b	26,40 c	13,26 b	9,36 b
12.2	11,00 b	22,00 b	23,64 c	13,60 b	9,20 b
13.1	11,60 b	30,60 b	30,92 c	17,08 b	11,74 b
13.2	13,60 b	38,80 b	37,76 c	22,50 a	16,32 a
14.1	30,00 a	75,80 a	75,42 a	36,60 a	25,76 a
CV%	44,90	44,86	45,73	46,41	46,41
Erro Padrão	2,929	6,999	4,278	2,957	2,957

*Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

O desdobramento genótipo x cinco planta selecionadas, é utilizado aqui para demonstrar se há ou não uma tendência de homogeneidade dentro dos genótipos estudados (Tabela 5). Para se identificar um genótipo com tendência à homogeneidade, observam-se as letras maiúsculas entre as colunas, nas quais, os valores médios observados entre as plantas se apresentam iguais. Isso demonstra que as cinco plantas selecionadas ao acaso, dentro de cada genótipo, não diferem estatisticamente para determinada variável. Para se identificar plantas como superiores, entre os genótipos, deve se observar as letras minúsculas entre as linhas. Dessa forma, para o desdobramento da variável comprimento de legume (CL), observa-se que os genótipos (GS) 1.1, 5.2, 6.1, 6.2 e 13.2 não apresentaram valores significativos entre as colunas, demonstrando assim que tais GS tendem a homogeneidade para esta variável.

Tabela 5. Análise do desdobramento de genótipos dentro de cada nível de planta para a variável comprimento de legume (CL), em genótipos selecionados (GS) de amendoim do tipo vagem lisa

GEN	PLANTAS				
	1	2	3	4	5
1.1	3,32 cA	3,20 cA	3,30 cA	2,78 bA	3,36 cA
1.3	3,70 bA	3,98 bA	3,42 cB	4,02 aA	4,46 aA
2.1	0,64 eB	3,44 cA	3,56 cA	3,78 aA	3,34 cA
2.2	3,56 bA	2,92 cB	3,54 cA	3,50 aA	3,10 dB
3.1	2,40 dB	3,24 cA	3,48 cA	2,80 bB	2,84 dB
3.2	4,08 aA	4,28 aA	3,56 cB	3,90 aA	2,94 dC
4.1	3,70 bA	3,78 bA	3,78 bA	0,00 dB	3,70 bA
4.2	3,60 bB	3,88 bB	4,40 aA	0,00 dC	3,70 bB
5.1	3,06 cB	3,06 cB	3,52 cB	3,36 aB	4,58 aA
5.2	4,44 aA	4,62 aA	4,66 aA	4,10 aA	4,14 aA
6.1	3,02 cA	3,08 cA	3,02 dA	2,78 bA	2,98 dA
6.2	3,50 bA	3,80 bA	3,38 cA	3,58 aA	3,66 bA
7.1	3,28 cB	3,44 cB	4,06 bA	3,20 aB	3,44 cB
7.2	3,44 cA	3,52 cA	2,92 dA	0,00 dB	3,38 cA
8.1	4,04 aA	2,94 cB	3,88 bA	3,62 aA	3,14 dB
9.1	3,06 cA	3,02 cA	3,22 cA	2,20 cB	2,64 dB
12.2	3,38 cA	3,00 cA	2,76 dA	1,82 cB	3,38 cA
13.1	2,80 dB	3,38 cB	4,14 bA	3,58 aA	3,94 bA
13.2	3,70 bA	3,36 cA	3,38 cA	3,38 aA	3,58 cA
14.1	3,94 aA	3,42 cB	2,90 dB	3,62 aA	4,14 aA
CV%	14,04				
Media Geral	3,33				
DMS	0,20				

Letras iguais maiúsculas na coluna e minúsculas na linha, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Para o desdobramento da variável diâmetro de legume (DL), na Tabela 6, observou-se que os GS 1.1, 1.3, 2.2, 3.2, 5.1, 5.2, 6.1, 6.2, 7.1, 8.1, 9.1, 13.1, 13.2 e 14.1, também não apresentaram valores significativos entre as colunas, demonstrando que tais GS tendem a homogeneidade para esta variável.

Tabela 6. Análise do desdobramento de genótipos dentro de cada nível de planta para a variável diâmetro de legume (DL), em genótipos selecionados (GS) de amendoim do tipo vagem lisa

GEN	PLANTAS				
	1	2	3	4	5
1.1	1,40 aA	1,42 bA	1,40 aA	1,30 aA	1,30 aA
1.3	1,38 aA	1,28 bA	1,30 aA	1,36 aA	1,32 aA
2.1	0,28 cB	1,36 bA	1,34 aA	1,36 aA	1,30 aA
2.2	1,30 aA	1,28 bA	1,42 aA	1,42 aA	1,38 aA
3.1	0,86 bB	1,40 bA	1,36 aA	1,30 aA	1,38 aA
3.2	1,46 aA	1,28 bA	1,36 aA	1,34 aA	1,34 aA
4.1	1,36 aA	1,32 bA	1,38 aA	0,00 bB	1,34 aA
4.2	1,30 aA	1,30 bA	1,30 aA	0,00 cB	1,42 aA
5.1	1,42 aA	1,34 bA	1,40 aA	1,40 aA	1,32 aA
5.2	1,36 aA	1,34 bA	1,32 aA	1,40 aA	1,36 aA
6.1	1,42 aA	1,42 bA	1,30 aA	1,46 aA	1,38 aA
6.2	1,36 aA	1,28 bA	1,30 aA	1,34 aA	1,38 aA
7.1	1,38 aA	1,40 bA	1,36 aA	1,32 aA	1,32 aA
7.2	1,22 aB	1,84 aA	1,26 aB	0,00 cC	1,24 aB
8.1	1,34 aA	1,28 bA	1,32 aA	1,38 aA	1,24 aA
9.1	1,30 aA	1,30 bA	1,22 aA	1,20 bA	1,26 aA
12.2	1,44 aB	1,76 aA	1,34 aB	0,98 bC	1,38 aB
13.1	1,30 aA	1,32 bA	1,24 aA	1,16 bA	1,12 aA
13.2	1,40 aA	1,36 bA	1,26 aA	1,28 aA	1,24 aA
14.1	1,20 aA	1,12 bA	1,28 aA	1,24 bA	1,22 aA
CV%	13,52				
Media Geral	1,278				
DMS	0,077				

Letras iguais maiúsculas na coluna e minúsculas na linha, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Da mesma forma, para o desdobramento da variável número de grãos por legume (NG/L), na Tabela 7, foi observado que os genótipos 1.1, 1.3, 2.2, 5.2, 6.1, 6.2, 8.1, 9.1, 13.2 e 14.1, não apresentaram valores significativos entre as colunas, demonstrando assim que tais GS tendem a homogeneidade para esta variável.

Os critérios de seleção dos grupos selecionados (GS), para futuros trabalhos de melhoramento, têm que apresentar tendência a homogeneidade e características de produção superiores aos demais. Os genótipos que apresentaram estas características foram os GS 5.2, 6.2, 13.2 e 14.1. Entretanto o genótipo 14.1 não apresentou homogeneidade em todas as plantas avaliadas para a variável morfológica tamanho de legume (TL), contudo, foi selecionado por

apresentar valor médio superior em todas as análises de crescimento e produção avaliados. Os grupos selecionados (GS) 5.2, 6.2 e 13.2 (película branca) além de tenderem a homogeneidade, apresentaram valores de produção superiores para a matéria seca de grãos (MSG), podendo assim serem recomendados para produção, visando a comercialização de grão torrado. O GS 14.1 pode ser recomendado tanto para a comercialização em legume fresco (MFL) como para grãos torrados (MSG), por apresentar valores superiores para estas características em relação aos demais genótipos avaliados.

Tabela 7. Análise do desdobramento de genótipos dentro de cada nível de planta para a variável número de grãos por legume (NG/L).

GEN	PLANTAS				
	1	2	3	4	5
1.1	3,20 aA	2,80 aA	2,60 bA	2,60 bA	3,20 aA
1.3	2,80 aA	2,80 aA	2,80 bA	3,40 aA	3,60 aA
2.1	0,60 bB	3,40 aA	3,00 bA	3,00 aA	3,40 aA
2.2	3,20 aA	2,60 aA	3,40 aA	3,20 aA	2,80 bA
3.1	2,80 aA	3,00 aA	1,20 cB	2,20 bA	2,20 bA
3.2	1,20 bC	3,80 aA	3,80 aA	3,40 aA	2,80 bB
4.1	3,00 aA	3,80 aA	3,40 aA	0,00 cB	3,20 aA
4.2	3,00 aA	3,00 aA	2,60 bA	0,00 cB	2,40 bA
5.1	2,20 aB	3,20 aA	3,60 aA	3,00 aA	2,80 bA
5.2	3,00 aA	3,00 aA	3,40 aA	2,80 aA	2,80 bA
6.1	3,40 aA	3,20 aA	2,80 bA	2,80 aA	3,40 aA
6.2	3,20 aA	3,20 aA	2,80 bA	3,20 aA	3,00 aA
7.1	3,40 aA	2,60 aB	2,20 bB	3,20 aA	3,00 aA
7.2	3,20 aA	3,20 aA	2,40 bB	0,00 cC	2,00 bB
8.1	3,40 aA	2,80 aA	3,80 aA	3,20 aA	3,40 aA
9.1	2,60 aA	2,80 aA	2,80 bA	2,00 bA	2,40 bA
12.2	3,20 aA	2,80 aA	2,60 bA	1,60 bB	3,40 aA
13.1	2,80 aB	2,80 aB	4,00 aA	2,60 bB	3,60 aA
13.2	3,60 aA	3,00 aA	2,80 bA	2,60 bA	3,20 aA
14.1	4,00 aA	3,20 aA	3,20 aA	3,60 aA	3,40 aA
CV%	23.16				
Media	2.86				
Geral					
DMS	0.29				

Letras iguais maiúsculas na coluna e minúsculas na linha, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma. O UPGMA é um método não-ponderado de agrupamento aos pares, utilizando

médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

De acordo com o dendrograma (Figura 3) obtido pelo agrupamento distancia Euclidiana média dos genótipos, segundo as variáveis morfológicas de crescimento: AHP, DHP, NF e NH, e morfológicas do legume: CL, DL e NGL. As distâncias entre os pares de genótipos variaram de 0,30 a 2,40. A menor distância foi obtida entre os grupos selecionados (GS) 4.1 e 13.1, enquanto os genótipos (GS) 5.2 e 9.1, foram os pares mais divergentes.

As características que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos estudados foram: DHP (24,90%), NH (26,86%), DL (21,65%) e NL (26,54%). Por meio do ponto de fusão, foi possível constatar a formação de quatro grupos. Observa-se no dendrograma que os genótipos selecionados (GS), se apresentam em grupos diferentes em relação aos genótipos de origem (GO), como se pode ver nos GS 4.1(grupo II) e 4.2 (grupo IV), com distância de 1,30, GS 1.1(grupo IV) e 1.3 (grupo III), com distância de 0,86. Já os GS 3.1 e 3.2, que mesmo pertencendo ao grupo IV, apresentaram distância maior (1,01) do que a de grupos distintos.

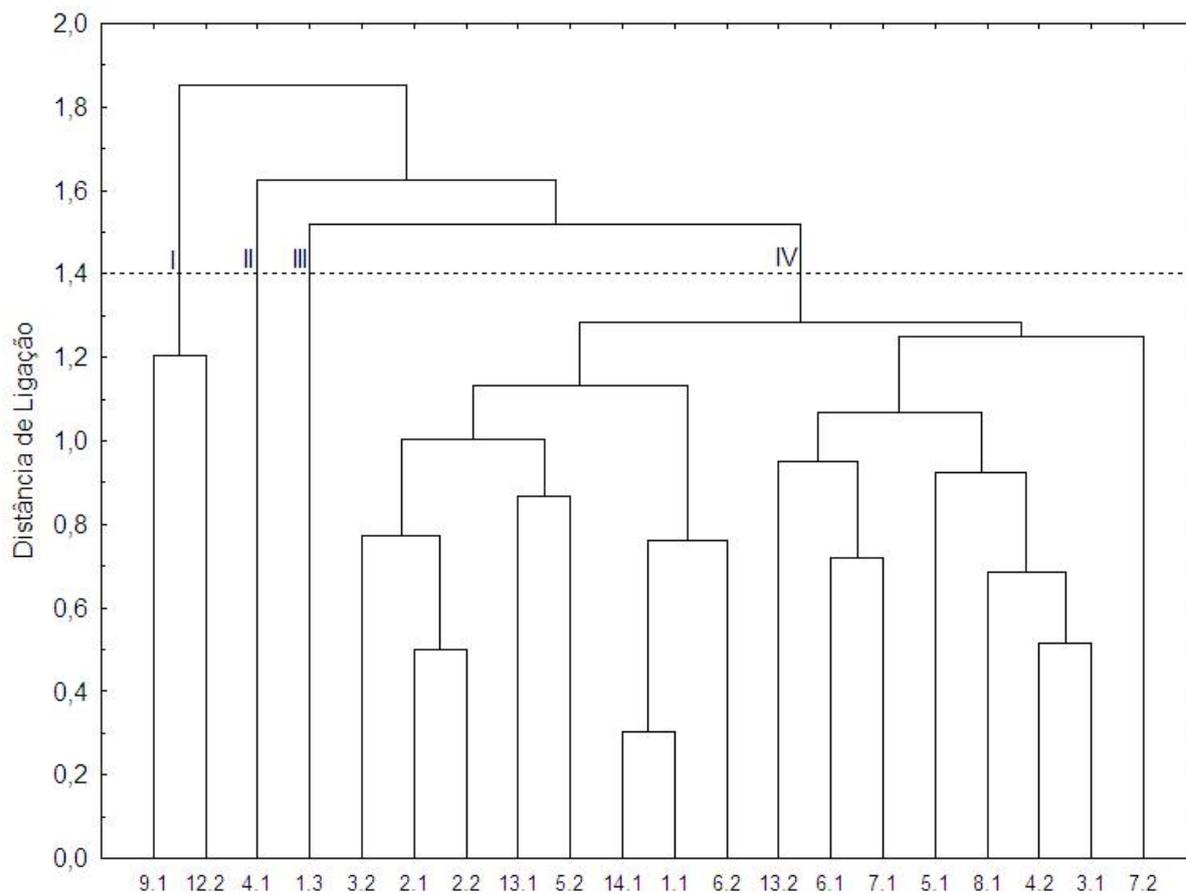


FIGURA 3. Dendrograma de dissimilaridade entre os 20 grupos de genótipos de amendoim, agrupados pelo método UPGMA, utilizando as seguintes variáveis AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (numero de folhas) e NH (numero de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (numero de grãos por legume)

Na Tabela 8 pode-se observar que o método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 20 genótipos selecionados (GS) em cinco grupos distintos. Este método leva ao estabelecimento de grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Além disso, é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as distâncias intergrupos (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O grupo I reuniu o maior número de genótipos, sugerindo assim que estes fazem parte de um mesmo grupo heterótico. Caracteres morfológicos distintos deste primeiro grupo são esperados nos genótipos selecionados (GS), 3.1 e 5.1 (grupo II), 9.1 e 14.1 (grupo III), 5.2 (grupo IV) e 7.2 (grupo V), pelo fato de terem formados grupos isolados. Observa-se, também, que os GS com origem em comum (GO) se apresentaram em grupos diferentes como visto nos GS 3.1 (grupo II) e 3.2 (grupo I) e 5.1 (grupo II), 5.2 (grupo IV). Este fato também foi observado no agrupamento UPGMA, mostrando que a seleção de genótipos utilizando características morfológicas como critério, promoveu a formação de GS mais homogêneos, possibilitando com que houvesse uma maior variabilidade entre os genótipos.

Tabela 8. Agrupamento de otimização entre 20 genótipos de amendoim, obtido pelo método Tocher, com base em oito características morfológicas¹, utilizando-se a distância Euclidiana média. Cruz das Almas, Ba, Brasil, 2010

GRUPOS	GENÓTIPOS														
I	4.1	13.1	12.2	1.3	1.1	6.1	2.1	7.1	6.2	4.2	3.2	2.2	8.1	13.2	
II	5.1	3.1													
III	14.1	9.1													
IV	5.2														
V	7.2														

⁽¹⁾ AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (número de folhas) e NH (número de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (número de grãos por legume)

O agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA apresentou-se similar ao método de Tocher, em relação a formação de grupos entre genótipos apresentando cinco e quatro grupos respectivamente. No entanto, apresentaram concordância em agrupar os genótipos selecionados de menor distância (4.1 e 13.1) e formar grupos diferentes para os de maior distância (5.2 e 9.1). Porém, no que se refere às menores distâncias entre genótipos, o agrupamento do Tocher proporcionou a formação de somente um grupo constituído por vários genótipos,

enquanto que no método UPGMA a apresentação das distâncias no dendrograma possibilita a visualização de agrupamentos de genótipos mais similares. Este fato também pode ser explicado em função do agrupamento de Tocher preconizar sempre as maiores distâncias entre grupos em relação à distância dentro dos grupos, sendo considerado um método exclusivo na formação dos grupos de genótipos.

CONCLUSÃO

A variabilidade observada entre os genótipos, pode ser muito útil para futuros trabalhos de melhoramento da cultura do amendoim, na Região do Recôncavo da Bahia.

Os genótipos selecionados (GS) 5.2, 6.2, 13.2 e 14.1, em decorrência de terem tendência à homogeneidade e obterem valores superiores aos demais, podem ser recomendados para futuros trabalhos de melhoramento.

A seleção de plantas com características morfológicas de legume como o comprimento, diâmetro e número de grãos, podem ser utilizada pelos agricultores como forma de incrementar sua produtividade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENINCASA, M. M. P. **Análise de Crescimento de Plantas (noções básicas)**. 2ª. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2003. 41p.

CARNEIRO, M. S. **Influência do espaçamento no desenvolvimento do amendoim, cultivar Runner IAC 886**. 2006. Monografia (Graduação em Agronomia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.103-165

CRUZ, C.D. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística experimental (software). Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, T. V. **Crescimento e produtividade de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura no Oeste da Bahia**. 2008. 99p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas, 2008.

FREIRE, R.M.M. **Estudo de aminoácidos em genótipos de amendoim (*Arachis hypogaea* L.)**. João Pessoa: UFPb, 1997. 118p. Tese Mestrado.

GONÇALVES, J. A.; PEIXOTO, C. P.; LEDO, C. A. S.; PEIXOTO, M. F. S. P.; SAMPAIO, H. S. V.; SAMPAIO, L. S. V.; ALMEIDA, N. S. Componentes de produção e rendimento de amendoim em diferentes arranjos espaciais no Recôncavo Baiano. **Revista Brasileira Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 8, n. 2/3, p. 801-812, 2004.

HEIFFIG, L. S. **Plasticidade da cultura da soja (*Glycine Max (L.) Merrill*) em diferentes arranjos espaciais**. 2000. 85p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

PEIXOTO, C. P.; GONCALVES, J. A.; PEIXOTO, M. F. S. P.; CARMO, D. O. Características agronômicas e produtividade de amendoim em diferentes espaçamentos e épocas semeadura no Recôncavo Baiano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.

REZENDE, J. O. **Solos coesos dos tabuleiros costeiros: limitações agrícolas e manejo**. Salvador: SEAGRI-SPA, 2000. 117p. (Série Estudos Agrícolas).

RIBEIRO, J. F.; SILVA, J. C. S. Manutenção e recuperação da biodiversidade do bioma Cerrado: o uso de plantas nativas. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 1996, Brasília, DF. **Anais...** Planaltina: EMBRAPA/CPAC, 1996. p. 10-14.

SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H.; DUARTE, J.M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A.; BRITO, S. F.; MORAES, J. S. Fenologia de genótipos de amendoim dos tipos botânicos Valência e Virgínia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n.6, p.607- 612, 1997.

SILVA, G.P. S. **O conhecimento da geografia do gênero *Arachis* (Leguminosae) para a coleta de germoplasma**. In: SIMPÓSIO LATINOAMERICANO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS, 1, 1997, Campinas. IAC/CENARGEN, 1997. p.24-24.

SILVEIRA, P.S.;. **Época de semeadura e densidade de plantas em cultivares de amendoim no recôncavo sul baiano** . 2010. 112p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512, 1974

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente trabalho avaliou a variabilidade existente nos genótipos coletados nos quais demonstraram haver diferenças entre as características morfológicas, e em decorrência da mistura encontrada não apresentou variação entre os genótipos.

Por se tratar de genótipos já adaptados a condição ambiental da Região do Recôncavo, optou-se pela realização de uma seleção tendo como critério as características morfológicas de legume, tal seleção demonstrou a variabilidade existente dentro e entre genótipos, condições nas quais permitiram que genótipos selecionados fossem indicados como mais promissores e com tendência a homogeneidade os genótipos (GS) 5.2, 6.2, 13.2 e 14.1.

Para a avaliação do desempenho desses genótipos há a necessidade da realização de testes que visem avaliar seu comportamento vegetativo e produtivo em diferentes épocas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

PEIXOTO, C. P.; GONCALVES, J. A.; PEIXOTO, M. F. S. P.; CARMO, D. O. Características agronômicas e produtividade de amendoim em diferentes espaçamentos e épocas semeadura no Recôncavo Baiano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.