

AVALIAÇÃO EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE AMENDOIM

Francisco Aglauberto de Lima Gouveia

Lucas Nunes da Luz

RESUMO

A cultura do amendoim desperta grande interesse econômico, pois além de constituir uma importante fonte de proteína vegetal e de óleo atende a diversos mercados. Não obstante sua capacidade de adaptação, sabe-se que tipos mais ou menos adaptados e produtivos podem ocorrer em função do melhoramento genético contribuindo para o aumento da produtividade. Nos programas de melhoramento de amendoim, busca-se elevar a produtividade sem deixar de lado caracteres fenotípicos associados a qualidade dos grãos. Para o aumento da produtividade é necessário o desenvolvimento de genótipos tolerantes ao estresse hídrico e que suportem as flutuações de pluviosidade tão características das microrregiões do Nordeste. Este trabalho buscou avaliar dois ciclos de seleção em quatro populações segregantes mista, composta de quatro cruzamentos biparentais em amendoim. As populações foram avaliadas em F₃ e F₄ por meio do índice de seleção de Mulamba e Mock. Em ambos os ciclos foram selecionados cerca de 25% dos genótipos superiores em todos os cruzamentos, as populações apresentaram elevados níveis de ganhos genéticos e herdabilidade, estimando promissores resultados nas próximas gerações.

PALAVRAS-CHAVE

Arachis hypogaea L., melhoramento, agricultura familiar, cultivar.

ABSTRACT

Peanut farming is of great economic interest, as in addition to being an important source of vegetable protein and oil, it serves several markets. Notwithstanding their adaptability, it is known that more or less adapted and productive types can occur as a result of genetic improvement, contributing to increased productivity. In peanut breeding programs, the aim is to increase productivity without neglecting phenotypic characters associated with grain quality. To increase productivity, it is necessary to develop genotypes that are tolerant to water stress and that support the fluctuations in rainfall that are so characteristic of the microregions of the Northeast. This work aimed to evaluate two selection cycles in four mixed segregating

populations, composed of four biparental crosses in peanuts. Populations were evaluated in F3 and F4 using the Mulamba and Mock selection index. In both cycles, about 25% of the superior genotypes were selected in all crosses, the populations showed high levels of genetic gains and heritability, estimating promising results in the next generations.

KEYWORDS

Arachis hypogaea L., improvement, family farming, cultivate.

INTRODUÇÃO

O gênero *Arachis* pertence à família *Leguminosae* (Fabaceae). Originário da América do Sul, possui 80 espécies descritas, incluindo o amendoim cultivado (*A. hypogaea* L.) (VALLS e SIMPSON, 2005; KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994). A maioria das espécies do gênero *Arachis* são diplóides e agregam, em seu genoma, importantes genes de características de interesse para o melhoramento do amendoim (LEAL-BERTIOLI et al, 2010; PROITE et al., 2008; FÁVERO et al., 2009; RAO et al., 2003;).

O amendoim é amplamente cultivado nos trópicos, onde a seca é um dos fatores mais limitantes para a produção. Apesar da larga adaptação a ambientes com baixa regularidade hídrica, a estabilidade de produção é geneticamente herdada, de modo que há um moderado nível de variabilidade para se buscar a seleção para ambientes semiáridos, esta, se encontra principalmente dentro das subespécies do amendoim cultivado (SANTOS et al., 2013, SANTOS et al., 2012; LUZ et al., 2011; LUZ et al., 2010; GOMES et al., 2007).

No Brasil, a produção encontra-se em torno de 360 mil toneladas de grãos, concentrada em mais de 80% na região Sudeste (IBGE, 2013); o restante encontra-se distribuído no Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste. A adoção de cultivares tolerantes ao clima semiárido é a forma mais segura e econômica de garantir a produtividade em ambientes com essa característica, principalmente pelo fato de que os níveis de adaptação variam em função da composição genética dos indivíduos (DUARTE, 2013).

Na região nordeste do Brasil, o amendoim é cultivado em várias sub-regiões, indo desde a zona da mata até o sertão semiárido. O Estado da Bahia se destaca como o principal produtor, com cerca de 80% da área cultivada, seguido pelos estados de Sergipe, Pernambuco e Ceará (SANTOS et al., 2010).

Salvo de exceções, no Nordeste, o cultivo se caracteriza pela baixa tecnologia, tradicionalmente realizado em pequenas propriedades e sem auxílio técnico, o que pode estar associado a baixa produtividade média das lavouras nordestinas. Ainda assim, um fator que estimula o crescimento do cultivo na região é a facilidade de cultivo em consórcio com outras culturas, favorecendo produtores com pouca extensão de terra (SANTOS et al., 2005). Para a cultura do amendoim, são escassos estudos envolvendo cultivos agroecológicos e/ou orgânicos, contudo, pode-se antever que, como uma cultura agrícola rústica, estudos neste sentido são viáveis considerando o modo familiar de cultivo.

O cultivo do amendoim, justifica-se em virtude da ampla possibilidade de beneficiamento, proporcionando uma série de produtos e subprodutos, gerando empregos e rentabilidade econômica tanto para os pequenos produtores, como também as grandes agroindústrias nacionais e multinacionais (CÂMARA, 2004).

Assim, este trabalho objetivou avaliar com base nos caracteres morfológicos descritos a frente, a população em geração F3 e F4, selecionando os genótipos que participarão das próximas fases do programa.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas oito populações segregantes de amendoim. As populações foram geradas em 2017, por meio de cruzamento de biparental envolvendo quatro genitores em cruzamentos recíprocos. Os acessos utilizados encontram-se no banco ativo de germoplasma de amendoim da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira - UNILAB em Redenção/CE e são assim denominados: UNILAB 26, UNILAB 33, UNILAB 43 e UNILAB 69 conforme descritos na Tabela 01.

Tabela 01 - Informações sobre grupo botânico, origem e descritores morfológicos dos quatro acessos de amendoim usados como genitores das populações no presente estudo.

Características	Acessos			
	Unilab 26	Unilab 33	Unilab 43	Unilab 69
Grupo Botânico	Virgínia (<i>Runner</i>)	Spanish	Spanish	Virgínia

Origem	Índia	EPACE	EUA	CCA/UFC
Hábito de crescimento	Rasteiro	Ereto	Ereto	Moita
Altura da haste principal (cm)	9.33	44.66	47.66	31.33
Floração (dias)	26	28	32	28
N° total de sementes/vagens	3 a 4	1 a 2	1 a 2	2 a 3
Cor da semente	Vermelho	Vermelho	Bege	Marrom
Forma de semente	Alongada	Alongada	Arredondada	Alongada
Ciclo (dias)	86	90	100	100

O experimento foi realizado no município de Redenção - CE, que segundo o IBGE (2017) ocupa uma área de 225,306 km² e está a 55 km de distância da capital do estado. O clima da Região é tropical semiárido brando, tropical quente subúmido, tropical quente úmido e tropical subquente subúmido com uma pluviometria média para o ano de 2018 variando entre 1000 a 1200 mm (IPECE, 2019; IPECE 2018).

A obtenção dos híbridos F1 foi feita por esquema dialélico (tabela 02), logo, cruzando todos os genitores em todas as combinações possíveis (híbridos e recíprocos). Posteriormente, as sementes F₁ foram semeadas para obtenção por autofecundação da população F₂.

Tabela 02 - Esquema de cruzamento dos genitores para obtenção de híbridos F1.

♀/♂	1	2	3	4
1	11	12	13	14
2	21	22	23	24
3	31	32	33	34
4	41	42	43	44

Número 1 – UNILAB 69, Número 2 – UNILAB 43, Número 3 – UNILAB 33, Número 4 – UNILAB 26.

A seleção das populações se iniciou em F₂. Nesta geração realizou-se uma seleção por exclusão das piores plantas F₂ de forma visual considerando-se como critérios: ataque de pragas nas plantas e vagens, doenças nas plantas e vagens, plantas raquíticas, cloróticas e com sinais de senescência. Nesta geração, plantas com sementes muito pequenas, vagens com constrição muito acentuada e plantas com menos de 10 vagens, não contribuíram com a formação da geração F₃. Não houve análises estatística nem seleção por meio de qualquer índice.

Para a formação da geração F₃, 10 covas com duas sementes de cada planta F₂ foram semeadas no campo. Após a germinação, houve o desbaste cultivando-se apenas uma planta por cova. A geração F₄ foi formada tal qual a geração anterior. Os cultivos foram realizados na horta didática no Campus da Liberdade da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-brasileira (UNILAB) com a população F₃ e na Fazenda Experimental Piroás (FEP) também da universidade para a população F₄.

Ambos os cultivos seguiram o esquema de plantas individuais, cultivadas em linha, espaçadas de 0,7 m entre linhas e 0,60 entre plantas, colhidas individualmente aos 90 dias, caracterizando um esquema de *Pedigree*. Os experimentos foram acompanhados do cultivo dos genitores plantados em blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: Altura das plantas (AHP), número de vagens imaturas (NVI), número de vagens maduras (NVM), peso de 100 vagens (P100S), peso de 100 sementes (P100S). Todos os tratamentos culturais foram implementados segundo Santos et al. (2006). A adubação seguiu o recomendado pela análise de solo, sendo ela de caráter agroecológico.

As análises foram realizadas considerando as plantas individuais, onde o valor fenotípico dos caracteres foi utilizado para a construção de um índice de seleção. Os ganhos foram calculados pelo diferencial de seleção a partir da herdabilidade medida no conjunto de genitores. Utilizou-se o índice de Mulamba & Mock (1978), mais conhecido como índice de soma dos *ranks* para classificar os indivíduos e separar os indivíduos selecionados com base na posição no *rank*.

Na construção do índice, cada indivíduo entra com seus valores fenotípicos. Os *ranks* são construídos com a classificação numérica dos indivíduos entre si, do maior valor para o menor valor, para cada descritor. Ao final, soma-se a classificação (*rank*) do indivíduo para cada descritor, obtendo-se assim a soma de *ranks*. Utilizou-se desta estratégia para promover a

seleção entre e dentro de famílias para os caracteres de alta herdabilidade durante as fases de heterozigose elevada.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 03 apresenta os parâmetros genéticos calculados em função dos genitores. A partir dos parâmetros calculados foi possível a estimação dos ganhos preditos e a seleção dos indivíduos superiores. Faz-se lembrar que as populações F₂, F₃ e F₄ demonstraram alto nível de heterozigose em campo, assim, as mesmas foram tratadas como plantas individuais.

Tabela 03 - Herdabilidade dos genitores (h^2) e estimativas de ganhos genéticos tais como a média de seleção (X_s), média da população inicial (X_o), diferencial de seleção (DS), ganho de seleção (GS) e ganho de seleção em porcentagem (GS%) para as próximas gerações, para os caracteres de Altura, NGT, NVM, P100V, NTS e P100S.

	Altura	NGT	NVM	P100V	NTS	P100S
X_s	42,2	154,7	62,0	85,0	61,7	49,0
X_o	36,57	87,92	31,9	80,4	30,8	43,2
DS	5,7	66,8	30,1	4,6	30,9	5,8
h²	0,89	0,79	0,781	0,975	0,915	0,958
GS	5,04	52,82	23,53	4,50	28,27	5,54
G%	13,78	60,08	73,77	5,58	91,8	12,83

Todos os caracteres levados em consideração neste presente trabalho apresentaram herdabilidade superior a 50%, para Eroid e Stansfield (2010) os valores são altos. Esse tipo de resposta permite confirmar estimativas de progresso com a seleção, uma vez que esse parâmetro exprime quanto as variações fenotípicas são de caráter genético (LUZ, 2009).

Quando a herdabilidade é baixa, a seleção deve ser praticada apenas em gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose promove um incremento na herdabilidade, no entanto, ao obter valores de herdabilidade altos já nas primeiras gerações, a seleção nesses estágios do programa já é eficaz (ROBINSON, 1963; FALCONER; MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

Sabe-se que o cálculo de parâmetros genéticos em plantas individuais é perfeitamente possível via metodologia de modelos mistos. Nascimento (2010) descreve uma das vantagens dessa metodologia ser a possibilidade de comparação direta e eficiente de todos os indivíduos de uma família em todo o experimento. Contudo, pela metodologia utilizada neste trabalho, espera-se que a partir de F₅ as plantas obtenham homozigose suficiente para a formação de famílias, contribuindo para a estimação de parâmetros populacionais internos as mesmas.

As plantas F₄ foram tratadas individualmente e cada planta contribuiu com seus valores fenotípicos, logo, a classificação leva em conta a comparação entre estes para cada descritor. O uso de índices de seleção no melhoramento é uma ferramenta amplamente utilizada, em amendoim, uma vez que se prova ser um dos métodos de seleção mais eficientes para a condução dos programas de melhoramento em populações de amendoim (RAMOS, 2019; MIQUELONI, 2018; SILVA, 2009;)

A Tabela 04 mostra as médias das 30 melhores progênies, esses obtiveram as melhores colocações no *rank*. Pode-se observar indivíduos pertencentes a todos os cruzamentos, e em ambas posições parentais, com maior frequência dos acessos UNILAB 33 e UNILAB 26, os dois acessos são tratados com ciclo de 90 dias, enquanto os demais acessos são de 120 dias. Com isso, a colheita praticada ao fim do ciclo dos acessos mais presentes entre os indivíduos selecionados pode ter ocasionado em maior vantagem para esses indivíduos. A metodologia utilizada por Ramos (2019) prevê colheitas aos 115 dias e 130 para cultivares precoces e tardias respectivamente. Contudo, a discrepância entre a participação dos genitores na população selecionada não é considerável, uma vez que é muito baixa, apresentando apenas uma unidade a mais.

Tabela 04 - Seleção e médias das melhores progênies para os caracteres analisados. A coluna “ID parental” segue o esquema de primeiro algarismo denominando o genitor pai, e o segundo algarismo o genitor mãe.

Código da planta	ID parental	Altura (cm)	NGT	NVM	PV100	NTS	PS100	Soma de Ranks
S 24, pl - 27I 04	24	39.0	282.0	65.0	115.4	115.0	40.9	190
S 24,pl - 27I 05	24	82.0	321.0	55.0	101.8	75.0	38.7	199
S 42,pl - 13III 03	42	42.0	96.0	45.0	113.3	59.0	59.3	214
A C34 P2 B3 IV 10	34	33.0	431.0	127.0	66.9	104.0	43.3	217
A C34 P6 B3 I 04	34	48.0	287.0	106.0	73.6	148.0	33.8	218
S 43,pl - 24II 05	43	33.0	117.0	79.0	63.3	48.0	68.8	260
S 42,pl - 13III 02	42	52.0	83.0	46.0	100.0	41.0	65.9	289
A C34 P6 B3 I 03	34	44.0	118.0	78.0	60.3	80.0	32.5	299
S 42,pl - 13III 01	42	51.0	94.0	30.0	110.0	34.0	61.8	302
A C34 P5 B4 I 06	34	41.0	108.0	35.0	105.7	43.0	53.5	307
A C34 P5 B4 I 10	34	34.0	164.0	93.0	55.9	105.0	30.5	312
S 24,pl - 23II 02	24	29.0	143.0	66.0	65.2	49.0	59.2	314
S 43,pl - 24II 02	43	33.0	36.0	39.0	128.2	41.0	68.3	316
A C34 P2 B3 IV 04	34	28.0	362.0	95.0	47.4	54.0	46.3	318
S 32,pl - 4I 04	32	42.0	77.0	36.0	108.3	35.0	65.7	324
A C13 P5 B2 I 06	13	52.0	87.0	93.0	48.4	74.0	33.8	325
S 43,pl - 24II 06	43	26.0	63.0	41.0	214.6	68.0	75.0	327
A C34 P2 B3 IV 05	34	31.0	394.0	94.0	42.6	32.0	62.5	328
A C31 P18 B1 II 01	31	39.0	89.0	40.0	92.5	49.0	46.9	332
A C13 P5 B2 II 07	13	45.0	127.0	98.0	41.8	74.0	31.1	334
S 24,pl - 27I 03	24	48.0	41.0	51.0	94.1	93.0	34.4	343
A C13 P5 B2 II 02	13	46.0	67.0	98.0	52.0	78.0	35.9	349
S 43,pl - 24II 04	43	29.0	32.0	42.0	133.3	54.0	66.7	351
S 42,pl - 26II 02	42	59.0	216.0	37.0	75.7	46.0	37.0	353
A C34 P2 B3 IV 07	34	27.0	218.0	38.0	92.1	32.0	50.0	358
A C13 P5 B2 II 03	13	41.0	114.0	61.0	59.0	56.0	37.5	377
S 42,pl - 13III 04	42	54.0	122.0	25.0	88.0	19.0	68.4	379
S 42,pl - 13III 05	42	47.0	168.0	31.0	87.1	21.0	61.9	381
A C13 P5 B2 I 04	13	51.0	108.0	49.0	59.2	56.0	25.0	399
A C13 P5 B2 II 05	13	41.0	76.0	68.0	54.4	68.0	35.3	402

De um total de 125 indivíduos, foram selecionados cerca de 25% (30 plantas) dos melhores colocados na soma dos ranks. Levando em conta que o índice utilizado considera o conjunto dos descritores através da soma dos ranks, nota-se que os indivíduos selecionados nem sempre exibem o maior valor fenotípico quando se considera os valores individuais, porém, acredita-se que o sucesso do método está exatamente no fato de selecionar um conjunto de indivíduos com elevado valor médio, contudo, para a todos os descritores. RAMOS (2019) ao comparar com outros métodos de melhoramento, obteve em seus resultados que a soma de ranks é um dos mais promissores por conseguir alcançar proximidade com valores da seleção direta dos caracteres.

A seleção direta é a maneira mais prática de se obter ganhos em uma característica, porém, ao direcionar pontualmente o melhoramento pode-se obter resultados indesejados em outros caracteres devido a correlação entre as características, Falconer (1987) recomenda a utilização de métodos combinados entre seleção direta e indireta, obtendo como ônus a maior eficiência como fonte de informação sob os valores genéticos dos indivíduos.

Ao analisar o desempenho dos indivíduos selecionados, percebe-se que apesar de não praticar seleção direta, o emprego da variável de NGT auxilia na seleção de melhores indivíduos, uma vez que essa tem correlação direta com a produção total de vagens, o que vai em encontro com os resultados obtidos por Santos et al. (2000) e Gomes & Lopes (2005).

CONCLUSÕES

A população avaliada apresenta elevada variabilidade para os descritores em uso, logo, espera-se ao fim do ciclo aferir ganhos genéticos que situem os indivíduos selecionados em patamares de produção superiores aos cultivares comerciais hoje no mercado. É possível a extração de mais de um cultivar comercial das populações, pois, há diferentes acessos promissores com diferentes padrões fenotípicos.

REFERÊNCIAS

CÂMARA, Gil Miguel de Sousa. **Introdução ao agronegócio do amendoim**. [S.l: s.n.], 2004.

DUARTE, Elizabeth AA; MELO FILHO, Péricles de A.; SANTOS, Roseane C. Características agrônomicas e índice de colheita de diferentes genótipos de amendoim submetidos a estresse hídrico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, p. 843-847, 2013.

EROLD, S.; STANSFIELD, W. D. Genetics. McGraw-Hill. Fifth Edition, 2010, 413p.
VALLS, J.F.M.; SIMPSON, C.E. New species of *Arachis* L. (Leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. **Bonplandia** 14: 35-64, 2005.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Editora UFV, Imprensa Universitária, Viçosa, MG. 279p. 1987.

FÁVERO, A.P.; SIMPSON, C.E.; VALLS, J.F.M.; VELLO, N.A. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, v.46, n.4, p.1546-1552, 2009.

FEHR, W. R.; CAVINESS, J. A. **Stages of soybean development**. Ames : Iowa State University, 1977, 11p. (Special Report, 80).

GOMES, L.R.; SANTOS, R.C.; ANUNCIACÃO, C.J.; MELO FILHO, P.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de amendoim de porte ereto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n.7, p.985-989, 2007.

GOMES, R. L. F., LOPES, A. C. A., Correlations and path analysis in peanut. **Crop breeding and applied biotechnology**. 2005. 105 – 112.

IBGE. **Cidades. Ceará. Redenção**. 2017. Disponível em:
<https://cidades.ibge.gov.br/?codmun=231160>. Acesso em: 19 Ago 2019.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, 2013.
http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_201308_4.shtm.
Acessado em 12/05/2021.

IPECE. Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará. **Caracterização Territorial: Precipitação Pluviométrica - 2018**. Disponível em:
<http://www2.ipece.ce.gov.br/atlas/capitulo1/12/150x.htm> . Acesso em: 12/05/2021.

IPECE. Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará. **Caracterização Territorial: Tipos Climáticos - 2019**. Disponível em:
<http://www2.ipece.ce.gov.br/atlas/capitulo1/12/126x.htm>. Acesso em: 12/05/2021.

KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia** 8: 1-186, 1994.

LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; JOSÉ, A.C.V.F.; ALVES-FREITAS, D.M.T.; MORETZSOHN, M.C.; GUIMARÃES, P.M.; NIELEN, S.; VIDIGAL, B.S.; PEREIRA, R.W.; PIKE, J.; FÁVERO, A.P.; PARNISKE, M.; VARSHNEY, R.K.; BERTIOLI, D.J. Identification of candidate genome regions controlling disease resistance in *Arachis*. **BMC Plant Biology** 9:112-122, 2009.

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; SILVA FILHO, J. L.; MELO FILHO, P. A. Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de amendoim baseadas em descritores associados ao ginóforo. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 41, n. 1, p. 132-138, 2010.

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A. Correlations and path analysis of peanut traits associated with the peg. **Crop Breeding and Applied Technology**, Viçosa, v. 11, n. 1, p. 88-93, 2011.

LUZ, Lucas Nunes da. **Estimativas de parâmetros genéticos em populações segregantes de amendoim**. 2009. 85 f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.

MIQUELONI, DANIELA POPIM. Variabilidade genética em amendoim forrageiro via modelos mistos e análise multivariada. 2018. 161 f. - **Embrapa Acre-Tese/dissertação (ALICE)**.

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

NASCIMENTO, Aline Galdino do. Parâmetros genéticos obtidos por modelos mistos em progênies e procedências da *Mimosa Scabrella* Benth. Dissertação (Mestrado) – 2010. 109 f. - **Universidade de São Paulo - Escola superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba**.

PONTES, Fernanda Carla Ferreira de. Controle genético de caracteres determinantes de aspectos visuais e da produção em amendoim. 2019. 60f. Dissertação (Mestrado em Agronomia-Fitotecnia) – **Universidade Federal do Ceará**, Fortaleza, 2019.

PROITE, K.; CARNEIRO, R.; FALCAO, R.; GOMES, A.; LEAL-BERTIOLI, S.; GUIMARAES, P.; BERTIOLI, D. Post-infection development and histopathology of *Meloidogyne arenaria* race 1 on *Arachis* spp. **Plant Pathology** 57(5): 974-980. 2008.
RAMOS, Jean Pierre Cordeiro et al. Ganhos genéticos via índice de seleção e modelos mistos em amendoim indicado para o semiárido. 2019. 60f. Tese (Doutorado em Agronomia) **Universidade Federal Da Paraíba** – Areias, PB, 2019.

RAO, N.K.; REDDY, L.J.; BRAMEL, P.J. Potential of wild species for genetic enhancement of some semi-arid food crops. **Genetic Resource and Crop Evolution** 50: 707721, 2003.

ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: **HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. SANTOS, R. C., CUSTODIO, R. J. M., SANTOS, V. F.,** Eficiência reprodutiva em genótipos de amendoim e correlação fenotípica entre caracteres ligados aos ginóforos. **Ciência e Agrotecnologia**. 2000. 617-622.

SANTOS, R. C.; GODOY, J. I.; FAVERO, A. P. Melhoramento do amendoim. In: SANTOS, R.C. **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 1 ed. Campina Grande: Embrapa Algodão. 2005. p.125-192.

SANTOS, R.C.; ALINEAUREA, A.F.; GONDIM, T.M.S.; OLIVEIRA JÚNIOR, J.O.L.; ARAÚJO NETO, R.B; EDVALDO SAGRILO, E.; VASCONCELOS, R.A; MELO FILHO,

P.A ; SILVA FILHO, J.L. Stability and adaptability of runner peanut genotypes based on nonlinear regression and AMMI analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.8, p.1118-1124, 2012.

SANTOS, R.C.; GODOY, I. J.; FAVERO, A. Melhoramento do amendoim. In: SANROS, R.C.; FREIRE, R.M.M.; LIMA, L.M. (Eds.). **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 2ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013. p.117-194.

SANTOS, Roseane C. et al. Produtividade de linhagens avançadas de amendoim em condições de sequeiro no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 14, p. 589-593, 2010.

SILVA, Leiliane Saraiva da. Variabilidade genética em *Pterogyne nitens* Tul. (amendoim-do-campo) em condições de laboratório e de viveiro. 2009. 74 f. **Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Universidade de Brasília**, Brasília, 2009.