

PROSPECÇÃO DE ACESSOS DE AMENDOIM EM BANCO DE GERMOPLASMA PARA FORMAÇÃO DE POPULAÇÕES DIVERGENTES¹

Débora Cristina Ribeiro Nunes²

Lucas Nunes da Luz³

RESUMO

O amendoim é uma cultura de elevada importância econômica, com fácil manejo e grande potencial de inserção em sistemas agrícolas sustentáveis, sendo uma alternativa viável para a geração de renda na agricultura familiar. No Brasil, seu cultivo tem crescido de forma modesta nas últimas décadas, concentrando-se principalmente na região Sudeste, onde é integrado a sistemas intensivos com rotação de culturas. No Nordeste, a produção ainda é limitada, predominando em pequenas propriedades com uso de mão de obra familiar. Um dos principais entraves para a expansão da cultura está na escassez de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas do semiárido. Este estudo teve como objetivo avaliar 100 acessos de amendoim visando à identificação de genótipos divergentes, com base em descritores morfológicos qualitativos e quantitativos, para a formação de populações adaptadas a sistemas de cultivo de base ecológica. O experimento foi conduzido em condições agroecológicas na Fazenda Experimental Piroás, da UNILAB, utilizando delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados 32 descritores, sendo 16 qualitativos e 16 quantitativos, conforme diretrizes do IBPGR (1992), e os dados foram submetidos à análise de variância, estimação de parâmetros genéticos e análise de agrupamento pelo método UPGMA, com base na Distância Generalizada de Mahalanobis. Os resultados indicaram ampla variabilidade genética e alta herdabilidade para a maioria dos caracteres. Os genótipos 15, 42 e 49 se destacaram por características produtivas relevantes, enquanto o genótipo 98 apresentou desempenho agrônomo inferior, evidenciando o potencial dos acessos para uso em programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Arachis hypogaeae* L.. sistemas agroecológicos. cultivo consorciadas.

ABSTRACT

Peanut is a crop of high economic importance, with easy management and great potential for integration into sustainable agricultural systems, being a viable alternative for income generation in family farming. In Brazil, its cultivation has grown modestly in recent decades,

¹ Trabalho de conclusão de curso, apresentado ao curso de Agronomia da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (Unilab), Campus dos Auroras.

² Bacharel em Agronomia pela Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (Unilab). E-mail: deboranunes@aluno.unilab.edu.br

³ Orientador, Doutor Lucas Nunes da Luz, Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (Unilab).

mainly concentrated in the Southeast region, where it is integrated into intensive systems with crop rotation. In the Northeast, production is still limited, predominantly in small properties using family labor. One of the main obstacles to the expansion of the crop is the scarcity of cultivars adapted to the edaphoclimatic conditions of the semi-arid region. This study aimed to evaluate 100 peanut accessions with the goal of identifying divergent genotypes, based on qualitative and quantitative morphological descriptors, for the formation of populations adapted to ecologically based cultivation systems. The experiment was conducted under agroecological conditions at the Piroás Experimental Farm of UNILAB, using a randomized block design with three repetitions. A total of 32 descriptors were evaluated, with 16 qualitative and 16 quantitative, according to IBPGR guidelines (1992), and the data were subjected to analysis of variance, estimation of genetic parameters, and cluster analysis using the UPGMA method, based on the Mahalanobis Generalized Distance. The results indicated wide genetic variability and high heritability for most traits. Genotypes 15, 42, and 49 stood out for relevant productive characteristics, while genotype 98 showed inferior agronomic performance, highlighting the potential of the accessions for use in breeding programs.

Keywords: *Arachis hypogaeae* L.. agroecological systems. intercorpping cultive.

1. INTRODUÇÃO

Originário da América do Sul, o amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma das oleaginosas mais cultivadas no mundo, sendo uma leguminosa de relevante importância econômica. Sua versatilidade permite ampla utilização, principalmente na alimentação humana, na extração de óleo vegetal e na formulação de rações para animais (Souza & Ferrarezi Junior, 2022). Esse destaque se deve, em grande parte, à sua composição nutricional, com grãos que apresentam elevado teor de óleo, predominância de ácidos graxos insaturados, como oleico e linoleico, além de serem fontes de fibras, carboidratos, vitaminas, minerais e proteínas (Santos et al., 2021; Araújo et al., 2014).

Globalmente, o Brasil ocupa a décima posição entre os maiores produtores de amendoim, com cerca de 280 mil hectares cultivados e produção estimada em 1,175 milhão de toneladas (CONAB, 2025; FAO, 2025). A produção nacional está concentrada majoritariamente no estado de São Paulo, responsável por aproximadamente 90% do volume total, consolidando-se como o principal polo produtor do país. Em contraste, a região Nordeste aparece em quarto lugar no ranking nacional, com produção estimada de 3,7 mil toneladas e produtividade média de 989 kg/ha na safra 2024/2025 (Deus et al., 2025).

No contexto da agricultura familiar, o cultivo do amendoim contribui para a diversificação produtiva e a geração de renda, fortalecendo os sistemas agrícolas de base ecológica e promovendo impactos sociais e econômicos positivos nas comunidades locais. A cultura tem se mostrado viável nesse segmento, especialmente por permitir a agregação de valor aos produtos cultivados (Demétrio et al., 2024; Soares et al., 2021). Assim, a adoção de cultivares adaptadas ao semiárido e ao manejo agroecológico pode favorecer o aumento da produtividade e garantir maior estabilidade da produção (Ruiz et al., 2022; Bassanezi et al., 2021).

No Brasil, o Registro Nacional de Cultivares (RNC) contabiliza atualmente 38 cultivares de amendoim registradas, sendo a maioria desenvolvida por instituições como o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e a EMBRAPA (RNC, 2025). Entretanto, observa-se uma limitação quanto à adaptação dessas cultivares ao Nordeste. Das registradas, apenas seis são recomendadas para a região, das quais apenas duas pertencem ao tipo forrageiro (RNC, 2025). Esse panorama reforça a necessidade de desenvolver e validar materiais genéticos adaptados às condições do semiárido, especialmente voltados

para sistemas agroecológicos. O cultivo em ambientes com condições adversas demanda cultivares com tolerância à salinidade, toxicidade do solo, rusticidade e competitividade, essenciais para o avanço da cultura e o aumento da produtividade (Demétrio et al., 2024; Soares et al., 2021).

Nesse contexto, os bancos de germoplasma têm papel estratégico, pois conservam a diversidade genética e oferecem acessos com potencial para formar novas combinações genéticas, possibilitando o desenvolvimento de cultivares. Essa diversidade é um recurso vital para enfrentar desafios como pragas, doenças e mudanças climáticas, fornecendo uma base genética para a seleção de genótipos mais resistentes e adaptáveis a diferentes ambientes (Heuert et al., 2021; Colina-Vásques, 2024).

Considerando a carência de cultivares para a região semiárida, este trabalho teve como objetivo avaliar 100 acessos de amendoim, com vistas a identificação de acessos divergentes por meio de descritores qualitativos e quantitativos, para realização de cruzamentos divergentes e formação de populações para seleção de cultivares adaptadas ao semiárido e aos sistemas agrícolas de base ecológica.

2. METODOLOGIA

2.1 Dos acessos e do banco de germoplasma

O experimento foi conduzido com acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Amendoim (BAG Amendoim), vinculado ao Instituto de Desenvolvimento Rural (IDR) da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB), em Redenção, Ceará. O Banco Ativo de Germoplasma de Amendoim foi instituído em 2017, com a incorporação inicial de 28 acessos, obtidos por meio de intercâmbios e coletas realizadas na região do Cariri cearense. Posteriormente, seu acervo foi ampliado com a doação de 104 acessos provenientes do Banco de Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (CCA/UFC). Atualmente, o BAG Amendoim reúne um total de 132 acessos de *Arachis hypogaea* L., representando as subespécies *hypogaea*, *fastigiata*, *vulgaris* e *hirsuta*.

A Tabela 1 apresenta a distribuição de 100 acessos do Banco de Germoplasma de amendoim da UNILAB, com base em sua origem geográfica e institucional. Observa-se que a maior parte dos acessos foi incorporada por meio de doação do Banco de

Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (CCA/UFC), representando uma importante contribuição para a composição do acervo além de acessos provenientes do Senegal e da Índia, evidenciando a diversidade e a possibilidade de contar com *pools* gênicos distintos entre os acessos do BAG.

Tabela 1. Dados de passaporte dos acessos do BAG amendoim.

Local de coleta	Nº acessos	Acessos
Campina - Grande	01	UNI01
Ceará	02	UNI02; UNI03
CCA/UFC	43	UNI04; UNI05; UNI06; UNI07; UNI08; UNI09; UNI10; UNI11; UNI12; UNI13; UNI14; UNI15; UNI16; UNI17; UNI18; UNI19; UNI20; UNI21; UNI22; UNI23; UNI24; UNI25; UNI26; UNI27; UNI28; UNI29; UNI30; UNI31; UNI32; UNI33; UNI34; UNI35; UNI36; UNI37; UNI38; UNI39; UNI40; UNI41; UNI042; UNI43; UNI44; UNI45; UNI46;
Cruz das Almas (Ba)	01	UNI47
Desconhecida	01	UNI48
Estados Unidos	06	UNI49; UNI50; UNI51; UNI52; UNI53; UNI54
Fortaleza/CE	17	UNI55; UNI56; UNI57; UNI58; UNI59; UNI60; UNI61; UNI62; UNI63; UNI64; UNI65; UNI66; UNI67; UNI68; UNI69; UNI70; UNI71
Índia	09	UNI72; UNI73; UNI74; UNI75; UNI76; UNI77; UNI78; UNI79; UNI80
Nigéria	01	UNI81
São Paulo – IAC/Outros	05	UNI82; UNI83; UNI84; UNI85; UNI86
Senegal	19	UNI87; UNI88; UNI89; UNI90; UNI91; UNI92; UNI93; UNI94; UNI95; UNI96; UNI97; UNI98; UNI99; UNI100;

Fonte: Autoria própria, 2025.

2.2 Do plantio e coleta de dados

Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Experimental Piroás (FEP), vinculada ao Instituto de Desenvolvimento Rural (IDR) da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB), localizada no município de Redenção, Ceará. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com três repetições. As plantas foram cultivadas em fileiras do tipo leirão, com 5 metros de comprimento, espaçadas em 0,70 m entre fileiras e 0,40 m entre plantas. A semeadura foi

realizada diretamente no solo, utilizando quatro sementes por cova. Após a germinação, foi realizado raleio, mantendo-se duas plantas por cova. Cada linha de cultivo era composta de 13 plantas. Os dados foram coletados em 5 plantas por parcela experimental.

A Fazenda Experimental Piroás (FEP) opera sob princípios da produção orgânica e agroecológica, portanto, não foram utilizados adubos químicos nem defensivos agrícolas sintéticos. No entanto, a área destinada ao experimento foi previamente enriquecida com esterco bovino curtido, como forma de adubação orgânica. O experimento foi cultivado em regime de sequeiro entre os meses de março a julho de 2019. As colheitas foram iniciadas aos 90 dias após o plantio e foram finalizadas aos 120 dias após o plantio. Para colheita foi realizado teste da ponta a vagem, aleatoriamente, em pelo menos 5 plantas de cada parcela experimental.

Foram avaliados ao todo 32 descritores, sendo 16 de natureza qualitativas e 16 relacionados a características quantitativas. Descritores qualitativos: Hábito de Crescimento (HC), Tipo de Ramificação (TR), Pigmentação do Tronco (PT), Pilosidade dos Ramos (PR), Tipo de Inflorescência (TI), Cor da Pétala Frontal (CPF), Cor da Pétala Anterior (CPA), Pigmentação dos Ginóforos (PG), Cor da Folha (CorF), Superfície do Folíolo (SupF), Margem do Folíolo (MarF), Ápice do Folíolo (ApiF), Ponta da Vagem (PV), Estrangulamento da Vagem (EV), Reticulação da Vagem (RV) e Número de Sementes por Vagem (NSV). Descritores quantitativos: Altura da Haste Principal (AHP), Largura da Planta (LP), Comprimento da Folha Intermediária (ComF), Largura da Folha (LargF), Número de Ramificações Primárias (NRP), Número de Ramificações Secundárias (NRS), Número de Vagens Maduras (NVM), Número de Vagens Imaturas (NVI), Número Total de Vagens (NTV), Número de Ginóforos Totais (NGT), Número de Ginóforos Totais Inferiores (NGTI), Comprimento da Vagem (CV), Largura da Vagem (LV), Comprimento da Semente (ComS), Peso de 100 Vagens (P100V) e Peso de 100 Sementes (P100S).

A seleção de descritores, bem como, as classes/pesos atribuídos aos descritores morfológicos foram realizadas com base na lista de descritores do *International Plant Genetic Resources Institute* (IBPGR, 1992), utilizando-se, a moda dos dados coletados. Os dados foram tomados em 5 plantas aleatórias em cada unidade de avaliação. Os dados quantitativos foram tomados após a secagem completa das vagens. Os descritores foram amostrados na Fazenda Experimental Piroás e no Laboratório de Recursos Genéticos e

2.3 Análise estatísticas

Os dados coletados foram tabulados e procedeu-se teste de normalidade para os dados de natureza quantitativa. Os dados quantitativos e qualitativos foram avaliados por meio de análise de variância da qual foram extraídos os parâmetros genéticos, média e moda para o cálculo de matriz de diversidade genética. A similaridade genética entre os indivíduos foi estimada com base na Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) e o agrupamento foi realizado com a Ligação Média Entre Grupos (UPGMA). Todos os dados estatísticos foram gerados com base no Programa Genes (Cruz et al., 2013).

3. RESULTADOS E DISCURSÕES

A análise dos parâmetros genéticos revelou que a maioria dos descritores morfológicos avaliados apresentou altos valores de herdabilidade, variando de 68,1% a 98,59%, indicando forte influência genética sobre essas características, com exceção do tipo de inflorescência, que apresentou herdabilidade bastante baixa, com valor de 1,5%, sugerindo maior influência de fatores ambientais nesse caráter (Tabela 1).

Entre os descritores que se destacaram com os maiores valores de herdabilidade estão o hábito de crescimento, com 82,90%, a cor da pétala frontal com 93,75% e a anterior com 88,71%, a superfície com 81,55%, a margem com 95,82% e o ápice do folíolo com 89,33%, além da ponta da vagem com 98,59%, o estrangulamento com 96,35% e a reticulação com 91,95%. Todos esses descritores apresentaram relação CVg/CVe superior a 1, o que indica que a variabilidade genética supera a ambiental, caracterizando uma condição favorável para a seleção fenotípica, conforme mostrado na Tabela 2. Esses achados estão de acordo com o que foi relatado por Santos et al. (2021), que afirmam que descritores com alta herdabilidade são fortemente influenciados pelo genótipo, o que reduz os efeitos do ambiente e aumenta a confiabilidade na seleção.

Ainda na Tabela 2, os valores das variâncias genética, fenotípica e ambiental indicam que, na maioria dos descritores avaliados, houve predominância da variância genética entre os acessos. Esse comportamento contribuiu para que as estimativas de herdabilidade em nível de planta fossem elevadas, favorecendo a seleção. A exceção foi o descritor tipo de inflorescência, que apresentou variância genética nula, resultando em

herdabilidade reduzida, contudo, este parâmetro em si não representa grande importância e deve-se ter em mente que o banco avaliado se restringe a espécies de *A. hypogaea* L. A variância genotípica é fundamental para os programas de melhoramento, pois contribui diretamente para a herdabilidade, a qual expressa a proporção da variância fenotípica que é herdável, ou seja, estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (Berchembrock et al., 2021).

Tabela 2. Variação amostral e parâmetros genéticos para 16 descritores qualitativos avaliados em 100 acesso de amendoim.

Variáveis	Média	σ^2 g	σ^2 f	σ^2 a	CVg/CVe	h^2 (%)
HC	4.79	.88	1.06	.18	1.27	82.90
TR	2.65	.29	.41	.11	0.92	71.90
PT	.38	.15	.20	.04	1.05	76.62
PR	3.20	.91	1.19	.28	1.03	76.17
TI	1.0	.00	.00	.00	0.07	1.50
CPF	3.89	.69	.73	.04	2.24	93.75
CPA	3.89	.80	.91	.10	1.62	88.71
PG	.62	.10	.15	.04	0.86	68.91
CorF	2.79	.23	.32	.09	0.93	72.31
SupF	1.19	.11	.14	.02	1.21	81.55
MarF	1.47	.23	.23	.00	2.77	95.82
ApiF	2.63	.39	.43	.04	1.67	89.33
PV	4.48	1.84	1.87	.02	4.84	98.59
EV	3.96	1.86	1.93	.07	2.97	96.35
RV	3.84	1.30	1.42	.11	1.95	91.95
NSV	2.20	.07	.109	.03	0.88	69.95

σ^2 g -Variância genotípica; σ^2 f -Variância fenotípica; σ^2 a Variância ambiental; CVg/CVe - Coeficiente de variação genotípico/coeficiente de variação experimental; h^2 (%) Herdabilidade; HC – Hábito de crescimento; TR - Tipo de ramificação; PT – Pigmentação do tronco; PR - pilosidade dos ramos; TI - Tipo de inflorescência; CPF - Cor da pétala (parte frontal); CPA - Cor da pétala (parte anterior); PG - Pigmentação dos ginóforos; CorF - Cor do folíolo; SupF - Superfície do folíolo; MarF - Margem do folíolo; ApiF - Ápice do folíolo; PV - Ponta da vagem; EV - Estrangulamento da vagem; RV - Reticulação da vagem; NSV - Número de sementes por vagens.

Fonte: Autoria própria, 2025.

A análise de variância dos descritores quantitativos (Tabela 3) revelou diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade, de acordo com o teste F para 16 dos caracteres avaliados neste grupo de acessos. O único descritor que não apresentou efeito significativo dos tratamentos foi a largura da folha. As estimativas de herdabilidade variaram de 93,18% para a altura da haste principal (AHP) a 19,85% para a largura da folha.

Segundo Getahun (2021), os valores de herdabilidade podem ser classificados como baixos (0–30%), médios (30–60%) e altos (acima de 60%). Com base nesse critério,

observa-se que a maioria dos descritores apresentou valores altos de herdabilidade, embora apenas um deles tenha superado a marca de 90%. Esses resultados contrastam com os encontrados por Ramos et al. (2022), que relataram herdabilidade elevada (acima de 90%) para nove descritores, avaliados em 11 genótipos de amendoim, possibilitando altos ganhos genéticos com a seleção.

Com base na relação CVg/CVe, observou-se que a maioria dos descritores apresentou valores medianos, inferiores a 1, denotando possível dificuldade na seleção para estes descritores. A maior influência ambiental sobre essas características em comparação às demais deve-se, contudo, à natureza quantitativa dos genes que determinam estes descritores. Esse predomínio da variância ambiental diminui a herdabilidade, dificultando a identificação precisa do valor genético dos acessos. Ainda assim, descritores como número de ginóforos totais inferiores (1,13) e h^2 de 79,55% e peso de 100 sementes (0,91) e h^2 de 71,41% são indicadores de sucesso para seleções futuras. (Luz et al. 2010; Luz et al. 2011). Outros descritores número de vagens maduras (0,91) e h^2 de 71,70%, Número de vagens imaturas (1,54) e h^2 de 87,79%, número de totais de vagens (1.09) e h^2 78,31% e Comprimento de Vagem (1,45) e h^2 86,43% também se apresentaram como ótimos descritores em processos de seleção, por se destacarem influência genéticas.

De acordo com Kakeeto et al. (2019), em estudo semelhante, foram observados valores de herdabilidade variando entre 70% e 100% para os descritores avaliados, destacando-se o peso de 100 sementes, que apresentou alta herdabilidade, evidenciando o potencial desse caráter para ganhos com a seleção. Em Luz et al., (2014) em progênies de amendoim em 4 populações de amendoim em que a herdabilidade do descritor peso de 100 Vagens ficou entre 10 a 30% de herdabilidade. No entanto, no presente estudo esses descritores, apresentaram resultados diferentes, onde a herdabilidade ficou acima, com resultado 64,22%, mostrando um indicador mediano para ganho em seleção.

Tabela 3. Análise de variância para 16 descritores quantitativos avaliados em 100 acesso de amendoim.

FV	GL	Descritores			
		AHP	LP	ComF	LarF
Blocos	2	13.79	1054.43	.13	1.58
Tratamentos	99	314.77**	237.05**	1.25**	1.74ns
Resíduo	198	21.46	74.88	.41	1.39
Média		41.16	42.47	6.73	3.28
CVg/CVe		2.13	.84	.826	.28
h^2 (%)		93.18	68.41	67.2	19.85

FV	GL	Descritores			
		NRP	NRS	NVM	NVI
Blocos	2	23.29	32.26	106.46	.09
Tratamentos	99	5.25**	8.63**	346.70**	34.25**
Resíduo	198	2.39	3.06	98.11	4.18
Média		4.64	1.71	24.86	5.48
CVg/CVe		.62	.77	.91	1.54
h ² (%)		54.31	64.46	71.70	87.79

FV	GL	Descritores			
		NVT	NGT	NGTI	CV
Blocos	2	129.58	1681.17	46.73	7.45
Tratamentos	99	507.85**	844.51**	57.00**	62.18**
Resíduo	198	110.11	272.20	11.65	8.43
Média		30.39	25.08	7.13	29.30
CVg/CVe		1.09	.83	1.13	1.45
h ² (%)		78.31	67.76	79.55	86.43

FV	GL	Descritores			
		LV	ComS	P100V	P100S
Blocos	2	7.84	2.86	1704.56	154.95
Tratamentos	99	5.57**	10.08**	955.65**	253.43**
Resíduo	198	2.45	3.76	341.85	72.45
Média		10.43	13.09	109.05	48.47
CVg/CVe		.65	.74	0.77	0.91
h ² (%)		55.92	62.69	64.22	71.41

GL – Graus de liberdade; CVg/CVe - Coeficiente de variação genotípico/coeficiente de variação experimental ; h² (%) – Herdabilidade; AHP – Altura da Haste Principal; LP – Largura da Planta; ComFI – Comprimento; LargF – Largura de folíolo; NRP - Número de Ramificações Primárias; NRS - Número de Ramificações Secundárias; NVM - Número de Vagens Madura; NVI - Número de Vagens Imaturas; NTV - Número total de Vagens; NGT - Número de Ginóforos Totais; NGTI - Número de Ginóforos Totais Inferior; CV - Comprimento da vagem; LV - Largura da vagem; ComS – Comprimento da Semente; P100V - Peso de 100 Vagens; P100S - Peso de 100 Sementes. ** significativo a 1% no teste F; * significativo a 5% no teste F; ns – não significativo.

Fonte: Autoria própria, 2025.

A Tabela 4 apresenta as contribuições relativas dos caracteres para a diversidade genética entre os acessos avaliados. Verifica-se que a distribuição do valor acumulado (%) entre os descritores foi relativamente equilibrada, com destaque para o caráter margem do folíolo, que apresentou a maior contribuição individual (13,60%), enquanto o tipo de inflorescência apresentou a menor (0,29%). Esses resultados indicam que, com exceção dos descritores relacionados às folhas, os demais caracteres contribuíram de forma menos expressiva para a formação dos grupos de divergência genética.

Dentre os descritores morfológicos, também destacam-se superfície do folíolo (SupF), com 8,35%, e ápice do folíolo (ApiF), com 6,46%. Por estarem associados a características visuais de fácil distinção, esses descritores refletem, possivelmente, a ação

de genes de natureza qualitativa e apresentam baixa interação genótipo $\times$ ambiente, o que os torna especialmente úteis como marcadores fenotípicos. Conforme apontado por Castro et al. (2023), a adoção de descritores morfológicos com essas características é fundamental para a proteção, manutenção, multiplicação e comercialização de cultivares, além de representar uma ferramenta estratégica em programas de melhoramento genético e registro varietal. Embora não estejam diretamente relacionados à produtividade, tais descritores possuem grande potencial como indicadores auxiliares na identificação de cruzamentos bem-sucedidos e na distinção de cultivares, contribuindo de forma significativa para a eficiência dos programas de seleção.

Entre os descritores quantitativos avaliados, destacaram-se aqueles com maior contribuição para a divergência genética entre os acessos de amendoim: número de ramificações secundárias (NRS), com 3,05%, largura da vagem (LV), com 2,75%, número de ginóforos totais (NGT), com 2,63%, comprimento da semente (ComS), com 2,40%, número de ramificações primárias (NRP), com 2,39%, e número de ginóforos totais inferidos (NGTI), com 2,38%. Esses caracteres, por estarem diretamente relacionados à arquitetura da planta e à sua capacidade reprodutiva, se mostram altamente promissores como critérios de seleção em programas de melhoramento genético. Sua expressiva contribuição para a variabilidade observada reforça o potencial desses descritores na identificação de genitores divergentes, visando o aumento da produtividade e da adaptação das cultivares a diferentes ambientes de cultivo. (Costa et al., 2021)

Em estudo semelhante, Costa et al. (2021), ao analisarem características agromorfológicas em 60 genótipos de amendoim por meio de análise multivariada, encontraram resultados distintos. Nesse trabalho, os caracteres peso de cem sementes e comprimento da vagem foram os que mais contribuíram para a diversidade genética, enquanto o número de hastes apresentou menor relevância. Os autores ainda ressaltam que características com baixa contribuição relativa podem ser desconsideradas em análises futuras, por não influenciarem significativamente a divergência genética entre os genótipos.

Tabela 4. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade morfológicos pelo método de SINGH (1981).

Descritores Morfológicos			Descritores Quantitativos		
Variável	S. j	Valor em %	Variável	S. j	Valor em %

MarF	2291.00	13.60	NRS	513.66	3.05
SupF	1404.00	8.35	LV	463.42	2.75
ApiF	1086.11	6.46	NGT	442.80	2.63
CorF	814.750	4.85	ComS	404.80	2.40
CPF	812.04	4.83	NRP	403.11	2.39
HC	660.63	3.93	NGTI	400.84	2.38
CPA	563.72	3.35	CV	375.29	2.23
PT	509.55	3.03	LP	330.28	1.96
TR	454.12	2.70	NVI	313.17	1.86
NSV	391.16	2.32	NTV	306.49	1.82
PV	378.85	2.25	AHP	295.06	1.75
PG	373.77	2.22	NVM	243.83	1.45
RV	351.49	2.09	ComFI	219.98	1.30
PR	328.87	1.95	P100V	210.73	1.25
EV	236.07	1.40	P100S	208.50	1.24
TI	50.0	0.29	LargF	87.04	.51

S.j – Contribuição individual de cada variável para a divergência genética total; Valor em % – Contribuição percentual de cada variável para a divergência genética total; HC – Hábito de crescimento; TR - Tipo de ramificação; PT – Pigmentação do tronco; PR - pilosidade dos ramos; TI - Tipo de inflorescência; CPF - Cor da pétala (parte frontal); CPA - Cor da pétala (parte anterior); PG - Pigmentação dos ginóforos; CorF - Cor do folíolo; SupF - Superfície do folíolo; MarF - Margem do folíolo; ApiF - Ápice do folíolo; PV - Ponta da vagem; EV - Estrangulamento da vagem; RV - Reticulação da vagem; NSV - Número de sementes por vagens; AHP – Altura da Haste Principal; LP – Largura da Planta; ComFI – Comprimento; LargF – Largura do folíolo; NRP - Número de Ramificações Primárias; NRS - Número de Ramificações Secundárias; NVM - Número de Vagens Madura; NVI - Número de Vagens Imaturas; NTV - Número total de Vagens; NGT - Número de Ginóforos Totais; NGTI - Número de Ginóforos Totais Inferior; CV - Comprimento da vagem; LV - Largura da vagem; ComS – Comprimento da Semente; P100V - Peso de 100 Vagens; P100S - Peso de 100 Sementes.

Fonte: Autoria própria, 2025.

Na Figura 1, é apresentado o dendrograma obtido por meio da análise de agrupamento com base em variáveis categóricas, utilizando o método UPGMA. A análise permitiu a formação de seis grupos distintos entre os 100 acessos de amendoim avaliados. O Grupo I concentrou o maior número de acessos, totalizando 52 genótipos: 53, 54, 64, 86, 62, 65, 56, 59, 61, 63, 87, 69, 72, 70, 95, 81, 73, 58, 67, 78, 80, 82, 91, 71, 100, 85, 93, 92, 94, 99, 83, 77, 52, 84, 51, 55, 74, 68, 89, 90, 79, 97, 76, 88, 75, 57, 66, 96, 22, 33,

21, 25 e 36. O Grupo II foi composto por 41 acessos: 12, 44, 9, 14, 1, 6, 5, 7, 2, 10, 8, 11, 3, 4, 13, 17, 32, 43, 45, 47, 41, 24, 26, 27, 38, 16, 39, 40, 46, 50, 20, 30, 28, 34, 35, 18, 23, 19, 31, 48 e 37. Os Grupos III, IV, V e VI foram formados por apenas um acesso cada, sendo eles os acessos 49, 98, 15 e 42, respectivamente. O método UPGMA mostrou-se eficiente para essa discriminação, como já relatado na literatura (Cruz et al., 2014).

A análise de agrupamento evidenciou uma ampla variabilidade genética entre os acessos de amendoim, com a formação de dois grupos principais e quatro grupos menores, compostos por genótipos isolados: 15, 42, 49 e 98. O acesso 49 destacou-se por apresentar os maiores valores para peso de 100 vagens (P100V) e peso de 100 sementes (P100S), demonstrando elevado potencial produtivo. O acesso 15, por sua vez, apresentou os maiores valores para número de vagens imaturas (NVI) e número de vagens totais (NVT), o que reforça sua aptidão para rendimento. Já o acesso 42 obteve os maiores valores para número de vagens maduras (NVM) e número de ginóforos totais inferiores (NGTI), sendo promissor para características associadas ao desempenho reprodutivo. Em contrapartida, o acesso 98 apresentou os menores valores para número de vagens maduras (NVM), comprimento do folíolo (ComFI), altura da haste principal (AHP) e largura da planta (LP), indicando desempenho inferior para esses descritores.

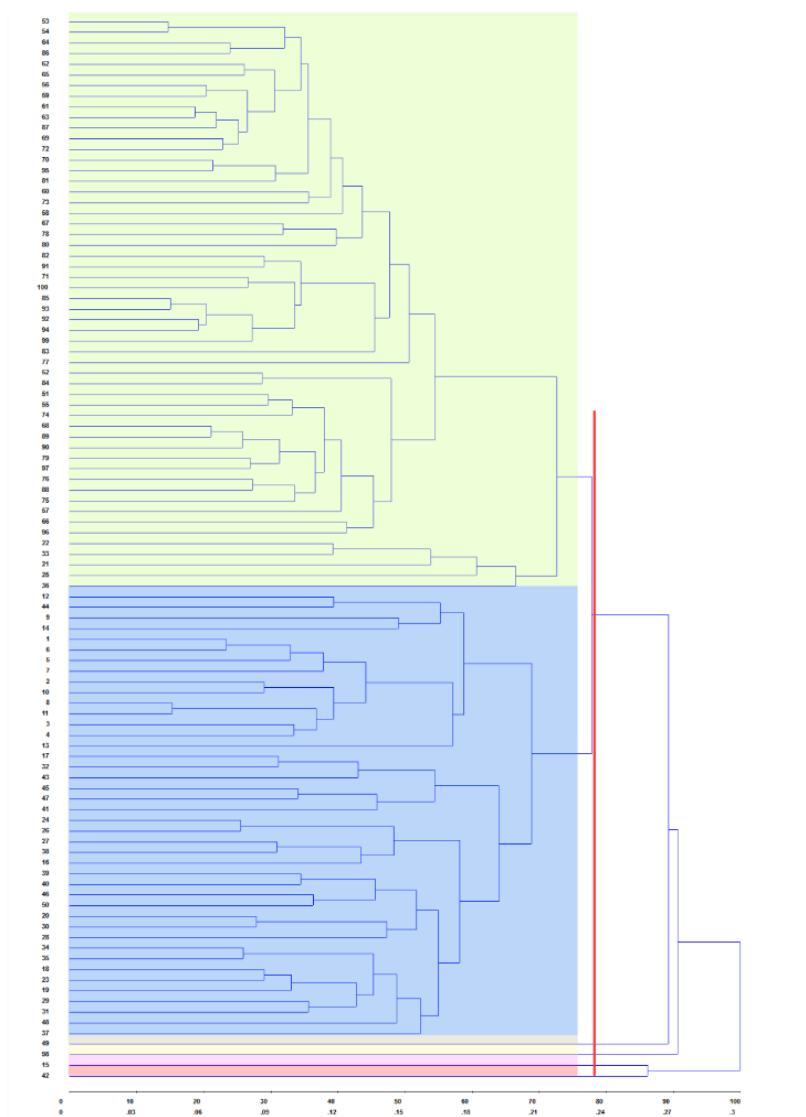
Essa estrutura revela a presença de materiais geneticamente distintos dentro do conjunto avaliado, o que é especialmente relevante para programas de melhoramento genético, que buscam diversidade para ampliar a base genética e selecionar combinações promissoras (Swarup et al., 2021).

A formação de grupos distintos, incluindo acessos isolados, evidencia a elevada divergência genética de determinados genótipos em relação aos demais, o que os qualifica como potenciais genitores em programas de cruzamento. Genótipos como o 15 e o 42, oriundos da CCA/UFC, sendo o 15 proveniente dos Estados Unidos e o 98 do Senegal, ilustram a influência significativa da origem geográfica sobre a diversidade observada. A inclusão de acessos com origens distintas e características únicas pode favorecer o desenvolvimento de cultivares adaptadas a condições específicas, como aquelas encontradas no semiárido ou em sistemas agrícolas de base ecológica (Silveira et al., 2019).

Estudos como o de Buratto et al. (2016), utilizando descritores morfológicos e produtivos, permitiram a distinção de acessos de amendoim com base na similaridade

genética, agrupando-os em cinco grupos distintos, com potencial aplicação na seleção de características agronômicas de interesse. Da mesma forma, Souza et al. (2019), ao avaliar a produtividade de genótipos de amendoim sob diferentes regimes de adubação, identificaram o acesso 43, pertencente ao grupo II, como menos exigente em adubação em comparação aos demais. Já Sousa et al. (2023), ao analisar os acessos 8 e 26 sob diferentes condições de adubação e estresse, observaram que o manejo nutricional adequado favoreceu o desempenho do acesso 26, enquanto o acesso 8 apresentou melhor resposta na produtividade, número de vagens e massa seca de vagens sob condições de estresse.

Figura 1. Dendrograma obtido pelo agrupamento Ligação Média Entre Grupos (UPGMA).



CCC: 0.797; Distorção: 2.73; Estresse 16.53; Probabilidade: significativa a 1%. Grupo I: verde; Grupo II: azul, Grupo III: marrom, Grupo IV: amarelo; Grupo V: rosa; Grupo VI: vermelho.
Fonte: Autoria própria, 2025.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os acessos de amendoim avaliados apresentaram bons níveis de herdabilidade, especialmente para os principais caracteres morfológicos e produtivos, o que indica forte controle genético e menor influência ambiental sobre essas características. Os genótipos 15, 42 e 49 destacaram-se por características produtivas e reprodutivas relevantes, evidenciando seu potencial. Portanto, esses resultados sugerem que os acessos possuem potencial promissor para serem utilizados em programas de melhoramento genético, com vistas à obtenção de genótipos superiores adaptados às condições do semiárido.

5. REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, J. M. et al. Determinação da atividade antitriptica em proteínas de produtos do amendoim isoladas por cromatografia de afinidade. **Quim. Nova**, v. 37, n. 10, p. 1618-1623, 2014. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/qn/a/WT3hwFXvqVKH5MXBDG533bg/>. Acesso em: 3 de maio de 2025.
- BASSANEZI, I. L. A. et al. Produtividade de cultivares de amendoim no Oeste Paulista–safra 2020/2021. **South American Sciences**, v. 2, n. edesp1, p. e21120-e21120, 2021. Disponível em: <https://southamericansciences.com.br/index.php/sas/article/view/120/150>. Acesso em: 10 de maio de 2025.
- BERCHEMBROCK, Y. V. et al. Parâmetros genéticos e seleção genotípica em arroz de terras altas. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 3, p. 28087-28095, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.34117/bjdv7n3-498>. Acesso em: 15 de maio de 2025.
- BURATTO, J. S. et al. Desempenho agrônômico e dissimilaridade genética entre acessos de amendoim por variáveis multicategóricas. **Scientia Agraria Paranaensis**, p. 324-331, 2016. Disponível em: <https://saber.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/13125>. Acesso em 15 de maio de 2025.
- CASTRO, C. M. et al. Morphological traits as variety descriptors of *Arachis pintoi*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 3, 2007. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Jose-Valls-3/publication/26638333_Morphological_traits_as_variety_descriptors_of_Arachis_pintoi/links/568e492908aeaa1481aff891/Morphological-traits-as-variety-descriptors-of-Arachis-pintoi.pdf. Acesso em: 19 de maio de 2025.
- Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. **Acompanhamento de Safra Brasileira: Boletim de safra de grãos**, abril de 2024. <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 08 de maio de 2025.
- COLINA-VÁSQUEZ, Mery Carmen. **Bancos de Germoplasma: Importancia para la soberanía alimentaria Germoplasm Banks: Importance for food sovereignty**. 2024. Disponível em: https://petroglifosrevistacritica.org.ve/wp-content/rep/2024_070101.pdf. Acesso em: 31 de maio de 2025.
- COSTA, J. A. et al. Divergência genética em genótipos de amendoimzeiro do grupo vegetativo valência. **Extensão Rural: Práticas e Pesquisas para o fortalecimento da Agricultura Familiar**, p. 254-267, 2021. Disponível em: <https://www.academia.edu/download/91451445/201202455.pdf>. Acesso em: 15 de maio de 2025.

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

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DEMETRIO, M.; GAZOLLA, M.; WEDIG, J. C. Valor econômico do trabalho de mulheres rurais em Sistemas Agroindustriais Familiares de Base Ecológica (SAFEs). **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 62, n. 4, p. e279993, 2024. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/resr/a/vyJrSd5CRymCVhCbMQfGgnB/>. Acesso em: 10 de maio de 2025.

DEUS, A. S. *et al.* Impacto da densidade de plantio e cultivares no rendimento de óleo de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) em regime de sequeiro. **Revista de Gestão e Secretariado**, v. 16, n. 1, p. e4616-e4616, 2025. Disponível em: <https://ojs.revistagesec.org.br/secretariado/article/view/4616>. Acesso em: 10 de maio de 2025.

Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO. **Estatuto da FAO: Culturais e produtos pecuários**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 8 de maio de 2025.

GETAHUN, A. Estimating genetic variability, gene effect, heritability, and genetic advance of yield component agronomic traits: towards the improvement of peanut agronomic traits. **agriRxiv**, n. 2021, p. 20210234086, 2021. Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/abs/10.31220/agriRxiv.2021.00058>. Acesso em: 15 de maio de 2025.

HEUERT, Jair *et al.* Avaliação agronômica para seleção de genótipos de amendoim visando precocidade. **South American Sciences**, v. 2, n. edesp1, p. e21132-e21132, 2021. Disponível em: <https://southamericansciences.com.br/index.php/sas/article/view/132>. Acesso em: 31 de maio de 2025.

INTERNATIONAL BOARD FOR PLANT GENETIC RESOURCES (IBPGR). *Descriptors for groundnut / Descriptores para maní / Descripteurs pour l'arachide*. **Rome: IBPGR**, 1992. Disponível em: <https://cgspace.cgiar.org/server/api/core/bitstreams/92e8a266-90fe-49f7-b645-bc0efbbd01dd/content>. Acesso em: 13 maio 2025.

KAKEETO, R. *et al.* Genetic variation and heritability of kernel physical quality traits and their association with selected agronomic traits in groundnut (*Arachis hypogaea*) genotypes from Uganda. **African Journal of Agriculture Research**, v. 14, n. 10, p. 597-603, 2019. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJAR/article-full-text-pdf/7048F6A60460.pdf>. Acesso em: 15 de maio de 2025.

LUZ, L. N. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de amendoim baseadas em descritores associados ao ginóforo. **Revista Ciência Agronômica**, v.41,

p.132-138, 2010. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/rca/a/FKrxs6C8zFwyptphLmnsZCJ/?lang=pt&format=html>.
Acesso em: 21 de maio de 2025.

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A. Correlações e análise de trilha de características do amendoim associadas ao ginóforo do amendoim. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 1, p. 88–95, mar. 2011. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/cbab/a/z5QbZDJv5RML8J3fWpKMcXM/abstract/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 19 de maio de 2025.

LUZ, L. N. *et al.* Combined selection and multivariate analysis in early generations of intraspecific progenies of peanuts. **Chilean journal of agricultural research**, v. 74, n. 1, p. 16-22, 2014. Disponível em: https://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0718-58392014000100003&script=sci_arttext&tlng=en. Acesso em: 19 de maio de 2025.

SINGH, Y. P.; KUMAR, A.; CHAUHAN, B. P. S. Genetic divergence in pearl millet. **The Indian J. of Genet. and Plant Breed.** v.41, n.1, p.186-190, 1981.

SOUZA, G. P.; FERRAREZI JUNIOR, E. Produção de amendoim no estado de são paulo e sua viabilidade. **Revista Interface Tecnológica**, v. 19, n. 2, p. 620-629, 2022. Disponível em: <https://revista.fatectq.edu.br/interfacetecnologica/article/view/1469>. Acesso em 8 de maio de 2025.

RAMOS, J.P. *et al.* Índices de seleção e pesos econômicos aplicados ao melhoramento genético do amendoim. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 5, pág. 327-334, 2022.

Registro Nacional de Cultivares – RNC. **Ministério da Agricultura e Pecuária. Cadastro nacional de cultivares registradas - CNCR - consulta**. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acesso em: 11 de maio de 2025.

RUIZ, F. F. *et al.* Densidade de sementes e época de semeadura para três cultivares de amendoim. **South American Sciences**, v. 3, n. 2, p. E22185-E22185, 2022. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/5KYnRWg54xg463CzPnSfd8x/abstract/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 9 de maio de 2025.

SALES, H. R. *et al.* Desempenho agrônômico de variedades de amendoim no semiárido de Minas Gerais cultivados com irrigação suplementar. **Revista Cultura Agrônômica**, v. 31, n. 2, p. 77, 2022. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Aroldo-Gomes-Filho/publication/366867116_DESEMPENHO_AGRONOMICO_DE_VARIEDADES_DE_AMENDOIM_NO_SEMIARIDO_DE_MINAS_GERAIS_CULTIVADOS_COM_IRRIGACAO_SUPLEMENTAR/links/63b5cffc03aad5368e64b369/DESEMPENHO-AGRONOMICO-DE-VARIEDADES-DE-AMENDOIM-NO-SEMIARIDO-DE-MINAS-GERAIS-CULTIVADOS-COM-IRRIGACAO-SUPLEMENTAR.pdf. Acesso em: 9 de maio de 2025.

SANTOS, A. A. C. *et al.* A cultura do *Arachis hypogaea* L.: Uma revisão. *Research, Society and Development*, v. 10, n. 2, e24910212719, 2021. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i2.12719>. Acesso em: 11 maio 2025.

SANTOS, V. J. N. *et al.* Parâmetros genéticos e correlações de caracteres agronômicos de genótipos de girassol. *Acta Biológica Catarinense*, v. 8, n. 4, p. 20-32, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.21726/abc.v8i4.1649>. Acesso em: 13 de maio de 2025.

SOARES, É. A. A. *et al.* Sistemas de produção de base ecológica: Uma alternativa para o desenvolvimento sustentável. *Research, Society and Development*, v. 10, n. 8, p. e59810817554-e59810817554, 2021. Disponível em: <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/17554>. Acesso em: 10 de maio de 2025.

SOUZA, F. E. C. *et al.* Produtividade de diferentes genótipos de amendoim submetidos a diferentes formas de adubação. *Nativa*, v. 7, n. 4, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.31413/nativa.v7i4.6683>. Acesso em: 19 de maio de 2025.

SWARUP, S. *et al.* Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*, v. 61, n. 2, p. 839-852, 2021. Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/csc2.20377>. Acesso em: 16 de maio de 2025.

SILVEIRA, D. C. *et al.* Diversidade genética de acessos de feijão crioulo na região Noroeste do Rio Grande do Sul. *Pesquisa Agropecuária Gaúcha*, v. 25, n. 1/2, p. 133-146, 2019. Disponível em: <https://revistapag.agricultura.rs.gov.br/ojs/index.php/revistapag/article/view/42>. Acesso em: 16 de maio de 2025.

SOUSA, J. T. M. *et al.* Desempenho agronômico de genótipos de amendoim sob estresse salino e diferentes formas de adubação. *Revista em Agronegócio e Meio Ambiente*, v. 16, n. 2, p. 1-17, 2023. Disponível em: <https://periodicos.unicesumar.edu.br/index.php/rama/article/view/9707>. Acesso em: 19 de maio de 2025.