

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DA POPULAÇÃO TETRAPLÓIDE DE AMENDOIM

Kennedy Brunno de Brito Martins¹, Ramon Guedes Matos², Taís de Moraes Falleiro Suassuna³, Jair Heuert⁴, Márcio de Carvalho Moretzsohn⁵

¹Estudante de Biologia da Faculdade Araguaia, kennedybrunno22@gmail.com (Apresentador do Trabalho);² Mestrando do Departamento de Botânica, Universidade Federal de Goiás, ramonguedes8@gmail.com;³Pesquisadora da Embrapa, tais.suassuna@embrapa.br;⁴Técnico Agrícola da Embrapa, jair.heuert@embrapa.br; ⁵Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia marcio.moretzsohn@embrapa.br

RESUMO: As primeiras iniciativas para introduzir genes das espécies silvestres no amendoim cultivado iniciaram na década de 1970, visando a introgressão de resistência às cercosporioses. Desde então, diversas populações interespecíficas foram geradas, como a população tetraploide obtida a partir da hibridação entre a cultivar ‘Runner IAC 886’ e o alotetraplóide sintético formado pelos parentais silvestres de genoma B (*Arachis ipaënsis*) e A (*A. duranensis*), composta por 89 linhagens recombinantes. O objetivo deste trabalho foi descrever a variabilidade para características morfológicas das linhagens recombinantes interespecíficas que compõem a população tetraploide do amendoim. Os parentes silvestres, o alotetraplóide sintético derivado destes e a cultivar ‘Runner IAC 886’, apresentaram variabilidade para altura da haste principal, cor de flor, hábito de crescimento, pigmentação da haste e formato da vagem. As linhagens recombinantes derivadas da população tetraploide apresentaram variabilidade para todos os descritores avaliados, sendo que para altura da haste principal, hábito de crescimento, pilosidade da haste e pigmentação do ginóforo, esta variação foi maior do que a encontrada nas espécies utilizadas para a geração desta população. A caracterização morfológica das linhagens recombinantes da população tetraploide derivada dos parentes silvestres resultou na identificação de variabilidade para características importantes para o programa de melhoramento do amendoim.

Palavras-chave: pré-melhoramento, descritores, parentes silvestres

INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma leguminosa originária da América do Sul, e já era cultivado pelos nativos muito antes da chegada dos espanhóis e portugueses no século XV. O gênero *Arachis* possui 80 espécies descritas, adaptadas em ambientes diversos, como a base da Cordilheira dos Andes na Bolívia e nordeste da Argentina até a costa do oceano Atlântico no Brasil, e o limite inferior da Floresta Amazônica até a margem nordeste do Rio da Prata, no Uruguai. O local mais provável de origem da espécie cultivada é situado na região de transição entre a floresta Tucumano-Boliviana (Sudeste da Bolívia) e a planície do Chaco, no Nordeste da Argentina (BERTIOLI et al., 2011).

O gênero *Arachis* pertence à família Leguminosae e possui espécies anuais ou perenes que apresentam frutos catenados, ou seja, frutos cujas sementes são separadas uma da outra por constrição muito profunda ou um istmo (KRAPOVICKAS e GREGORY, 1994). É composto por mais de 80 espécies descritas, e dividido em 9 seções. Para as atividades de pré-melhoramento, a seção mais explorada é *Arachis*, com 32 espécies silvestres conhecidas - mais próximas ou distantes do amendoim cultivado.

A espécie cultivada é um alotetraplóide ($2n = 4x = 40$) com genoma AB derivado da combinação de poucas plantas de duas espécies silvestres: *A. ipaënsis* (genoma B), coletado na Bolívia, e; *A. duranensis* (genoma A), coletado na Argentina. O desenvolvimento de híbridos interespecíficos, por meio da utilização de alotetraplóides sintéticos que combinavam os genomas A e B (FÁVERO et al, 2006), compatíveis com *A. hypogaea* L (AABB), permitiu uma série de estudos e a introgressão de genes de interesse das espécies silvestres em germoplasma cultivado (BERTIOLI et al., 2011).

As primeiras iniciativas para introduzir genes das espécies silvestres no amendoim cultivado iniciaram nos anos 1970s, visando a introgressão de resistência às cercosporioses (STALKER et al., 1979, SIMPSON et al., 1993). No entanto, variabilidade para características de produção e mercado, como tamanho de grãos, tem sido relatada por diversos autores (STALKER et al., 1979; FONCEKA et al., 2012; SUASSUNA et al., 2015), demonstrando o potencial de uso das espécies silvestres como fonte de variabilidade para outras características de interesse agrônomo.

Diversas populações interespecíficas segregantes foram geradas nos últimos anos na Embrapa, como a população tetraploide obtida a partir da hibridação entre a cultivar 'Runner IAC 886' e o alotetraplóide sintético formado pelos parentais silvestres de genoma B (*A. ipaënsis*) e A (*A. duranensis*), composta por 89 linhagens recombinantes.

Neste contexto, a caracterização morfológica constitui uma importante ferramenta para a seleção de germoplasma com características específicas, úteis nas etapas de pré-melhoramento e melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi descrever a variabilidade para características morfológicas das linhagens recombinantes interespecíficas que compõem a população tetraploide do amendoim.

MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em telado, na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, Goiás. Foram avaliadas 89 linhagens recombinantes da população Runner IAC 886 x [(*A. ipaënsis* x *A. duranensis*)]_{4x}, bem como os parentais Runner IAC 886, o alotetraplóide sintético[(*A. ipaënsis* x *A. duranensis*)]_{4x} e as espécies silvestres *A. ipaënsis* e *A. duranensis*. Os tratamentos foram semeados em vasos, onde foram avaliados os seguintes descritores: altura da haste principal, cor das flores, hábito de crescimento, pigmento da haste principal, pigmento do ginóforo, pilosidade da haste principal, pilosidade do folíolo e formato da vagem.

As avaliações seguiram as recomendações descritas em IBPGR (1992). Foram incluídas as notas 10 (frutos catenados com istmo intermediário) e 11 (frutos catenados com istmo longo) na escala de avaliação de constrição da vagem, visando caracterizar os frutos das duas espécies silvestres e do anfidiplóide (nota 11) e de linhagens recombinantes (nota 10).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parentes silvestres, o alotetraplóide sintético derivado destes e a cultivar ‘Runner IAC 886’, apresentaram variabilidade para quatro dos seis descritores avaliados (Tabela 1).

A altura da haste principal das espécies silvestres variou de 7,5 (*A. ipaënsis*) a 14,75 (*A. duranensis*), com valores maiores para ‘Runner IAC 886’ (27,25 cm) e o alotetraplóide sintético (27,25 cm). A cor das flores de *A. ipaënsis* era laranja, de *A. duranensis* amarela, no alotetraplóide amarela e em ‘Runner IAC 886’ laranja. ‘Runner IAC 886’ apresentou hábito de crescimento decumbente (nota 4), enquanto as espécies silvestres e o alotetraplóide apresentaram hábito procumbente (nota 1). Não foi observada pigmentação da haste principal em ‘Runner IAC 886’. As duas espécies silvestres, ‘Runner IAC 886’ e o alotetraplóide apresentaram pilosidade na haste e no ginóforo. As vagens de Runner exibiram constrição moderada (nota 5), enquanto que os frutos de *A. ipaënsis* e *A. duranensis* exibiram istmo longo (nota 11).

Tabela 1 – Resumo da caracterização morfológica* de 89 linhagens recombinantes da população tetraploide e dos respectivos parentais e espécies silvestres utilizados na sua obtenção.

Tratamentos	AHP (cm)	Cor da flor	Hábito de crescimento	Pigmentação da Haste	Pilosidade da Haste	Pigmentação do ginóforo	Vagem / Fruto (constrição)
Linhagens recombinantes	63 cm (T061) a 10 cm (T041)	amarela (39); laranja (47)	1(33); 2(2), 3(36); 4(11); 5(3); 6(1)	P(68); A (19)	P(78); A (9)	P (85); A (2)	5/9 (1); 9 (17); 9/10 (4); 10 (19); 10/11 (19); 11 (21)
<i>A. ipaënsis</i> KG30076	7,5	laranja	1	P	P	P	11
<i>A. duranensis</i> V14167	14,75	amarela	1	P	P	P	11
Runner IAC 886	27,25	laranja	4	A	P	P	5
Alotetraplóide sintético	27,75	amarela	1	P	P	P	11

* como descrito em IBPGR e metodologia deste trabalho; informações entre parênteses descrevem linhagens específicas (AHP) ou número de linhagens em cada categoria avaliada.

As linhagens recombinantes também apresentaram variabilidade para todos os descritores avaliados (Tabela 1). A altura da haste principal variou de 63 cm em T061 a 10 cm em T041. Foram observadas flores amarelas em 39 linhagens recombinantes, e flores laranjas em 47 destas. O hábito de crescimento observado nas linhagens recombinantes variou mais do que a variabilidade observada nos parentais (1 e 4), abrangendo todas as classes da escala de notas (1 a 6). As notas de hábito de crescimento que predominaram entre as linhagens recombinantes foram procumbente - 1 (nota 1, 33 linhagens) e decumbente - 3 (nota 3, 36 linhagens), seguida da classe decumbente - 4 (nota 4, 11

linhagens), arbusto - 5 (nota 5, 3 linhagens), procumbente - 2 (nota 2, 2 linhagens) e ereto - 6 (nota 6, 1 linhagem). Pigmentação da haste foi observada em 68 linhagens e do ginóforo em 85.

A presença de pilosidade da haste foi observada em 78 linhagens, sendo 9 linhagens glabras. A pigmentação do ginóforo foi observada em 85 linhagens, mas não em duas linhagens. É interessante notar que todos os pais e espécies envolvidas na geração da população tetraplóide apresentaram pilosidade da haste e pigmentação do ginóforo. Portanto, a identificação de linhagens de haste glabra e ginóforo sem pigmentação indicam maior variabilidade genética para estas características na população tetraploide do que nos parentais.

O formato dos frutos observado nas linhagens recombinantes também apresentou maior variação do que a observada no parentais da população tetraplóide. Frutos catenados com istmo longo foram observados em 21 linhagens, o mesmo formato observado nas espécies silvestres e no alotetraplóide. Frutos catenados com istmo intermediário foram observados em 19 linhagens, sendo que outras 19 linhagens apresentaram frutos catenados com istmo longo e intermediário na mesma planta (nota 10/11). Dezesete linhagens apresentaram frutos com formato semelhante a vagem com constrição profunda (nota 9). Quatro linhagens apresentaram frutos com formato intermediário (9/10). Uma linhagem apresentou frutos com formato semelhante ao Runner, recebendo a nota 5/9.

Diversas linhagens recombinantes foram selecionadas, como a linhagem com formato de vagem semelhante ao 'Runner IAC 886' e a linhagem com hábito de crescimento ereto, visando explorar a variabilidade para estas características agrônômicas na geração de novas populações segregantes.

A caracterização morfológica das linhagens recombinantes da população tetraploide derivada dos parentes silvestres resultou na identificação de variabilidade para características importantes para o programa de melhoramento do amendoim.

CONCLUSÃO

Os parentes silvestres, o alotetraplóide sintético derivado destes e a cultivar 'Runner IAC 886' apresentaram variabilidade para altura da haste principal, cor de flor, hábito de crescimento, pigmentação da haste e formato da vagem.

As linhagens recombinantes derivadas da população tetraploide apresentaram variabilidade para todos os descritores avaliados, sendo que para altura da haste principal, hábito de crescimento, pilosidade da haste e pigmentação do ginóforo esta variação foi maior do que a encontrada nas espécies utilizadas para a geração desta população.

A caracterização morfológica das linhagens recombinantes da população tetraploide derivada dos parentes silvestres resultou na identificação de variabilidade para características importantes para o programa de melhoramento do amendoim.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BERTIOLI D.J.; SEIJO G.; FREITAS F.O.; VALLS J.F.M.; BERTIOLI S.C.M.L.; MORETZSOHN M.C.; (2011) An overview of peanut and its wild relatives. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization 9**: 134-149.
- FÁVERO A.P.; SIMPSON C.E.; VALLS J.F.M.; VELLO N.A.; (2006) Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science 46**: 1546-1552.
- FONCEKA D.; TOSSIM H.A.; RIVALLAN R.; VIGNES H.; FAYE I.; NDOYE O.; MORETZSOHN M.C.; BERTIOLI D.J.; GLASZMANN J.C.; COURTOIS B.; RAMI J.F.; (2012) Fostered and left behind alleles in peanut: interspecific QTL mapping reveals footprints of domestication and useful natural variation for breeding. **BMC Plant Biology 12**: 26-42.
- IBPGR; ICRISAT (1992) Descriptors for groundnut. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy; International Crops Research Institute for Semi-Arid Tropics, Patancheru, India.
- KRAPOVICKAS A.; GREGORY W.C.; (1994) Taxonomia del género *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia 8**: 1-186.
- SIMPSON C.E.; (1993) Registration of 'TxAG-6' and 'TxAG-7' peanut germplasm. **Crop Science 33**: 1418.
- STALKER H.T.; WYNNE J.C.; Company M (1979) Variation in progenies of an *Arachis hypogaea* x diploid wild species hybrid. **Euphytica 28**: 675-684.
- SUASSUNA T.M.F.; SUASSUNA N.D.; MORETZSOHN M.C.; LEAL-BERTIOLI S.C.M.; et al. (2015) Yield, market quality, and leaf spots partial resistance of interspecific peanut progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 15**: 1175-180.