

Resistência múltipla a doenças foliares e potencial agrônômico de famílias RC₃F₂ descendentes de *Arachis hypogaea* x (*A. magna*x*A.stenosperma*)^{4x}

Submetido - 30 jul. 2020

Aprovado - 09 set. 2020

Publicado - 14 out. 2020



<http://dx.doi.org/10.17648/sas.v1i2.61>

João Francisco dos Santos

Pesquisador Visitante do IAC, Campinas - SP, e-mail: joaofsantos@iac.sp.gov.br.

Márcio de Carvalho Moretzsohn

Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF, e-mail: marcio.moretzsohn@embrapa.br.

Andrea Rocha Almeida de Moraes

Pesquisadora Científica do IAC, Campinas - SP, e-mail: andrea@iac.sp.gov.br.

Adriana Regina Custodio

Pesquisadora Visitante da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF, e-mail: custodiosjs@gmail.com.

David Bertoli

Scientist of The University of Georgia, Athens - USA, e-mail: bertoli@uga.edu.

Soraya Leal-Bertoli

Scientist of The University of Georgia, Athens - USA, e-mail: sbertoli@uga.edu.

Marcos Doniseti Michelotto

Pesquisador Científico da Apta, Polo Centro Norte, Pindorama - SP, e-mail: michelotto@apta.sp.gov.br.

Ignácio José de Godoy

Pesquisador Científico do IAC, Campinas - SP, e-mail: ijgodoy@iac.sp.gov.br.

RESUMO

As doenças fúngicas foliares constituem um dos fatores limitantes ao cultivo do amendoim no estado de São Paulo, Brasil. Este trabalho teve como objetivo explorar o potencial do anfídiploide sintético (*A. magna* x *A. stenosperma*)^{4x} como fonte de resistência às manchas foliares no desenvolvimento de linhagens de *A. hypogaea* resistentes, com o auxílio de seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Foram utilizados marcadores microssatélites e SNPs ligados a QTLs para resistência à mancha preta e ferrugem, identificados em *A. Stenosperma* e *A. magna*, respectivamente. Após três gerações de retrocruzamentos com SAM, as famílias RC₃F₂ desenvolvidas foram plantadas na estação experimental de Pindorama, sem controle químico das doenças, mas com os demais tratamentos culturais recomendados para a cultura. As plantas foram avaliadas individualmente para mancha preta e ferrugem aos 120 dias após a semeadura; e, após a colheita das vagens, avaliou-se o peso de vagens por planta. A população tem variabilidade para resistência às manchas foliares e para produção. Algumas plantas mostraram-se tão ou mais resistentes às manchas foliares do que a cultivar IAC Sempre Verde, padrão de alta resistência e elevada produção. Também foi observada uma correlação entre a resistência às duas doenças, ou seja, plantas resistentes à mancha preta também mostraram resistência à ferrugem. Isso foi confirmado pela co-localização dos segmentos genômicos silvestres conferindo resistência às duas doenças. Entre as plantas mais resistentes observou-se ganhos de produção. Esse trabalho descreve a utilidade e a viabilidade do uso de espécies silvestres no melhoramento genético do amendoim.

Palavras-chave: Amendoim; Mancha preta; Ferrugem; Peso de vagens; SAM.

Multiple resistances to foliar diseases and agronomic potential of RC₃F₂ families descending from *Arachis hypogaea* x (*A. magna* x *A. stenosperma*)^{4x}

ABSTRACT

The peanut is an important crop in Argentina's central region and it is mainly sown in dry land. Thus, it is important to establish an appropriate planting date to take advantage of rainfall during its growth cycle. This date could be even modified due to climate change effects. Crop models allow evaluating the effects of climate, soil and management on crop yield and its variability. The goal of this work was to use the Decision Support System for Agrotechnology Transfer (DSSAT) model to identify an optimal sowing date using historical climate data and determine the climate change effects on peanut yield. To this end, simulations were performed for the ASEM 400 INTA cultivar using historical weather data (1973-2019) and, from the near future (2030-2064) and the distant future (2065-2099) with four Representative Concentration Pathways scenarios (RCP: 2.6, 4.5, 6.0 and 8.5 Wm⁻²), combining three sowing dates and three conditions of soil water availability at the sowing date. Simulations performed with historical climate data estimate higher yields in earlier sowing dates and, the variability of those yields decrease when there is higher water availability at the sowing date. A decrease in variability with higher soil water content at the sowing date is also observed for future conditions in all the scenarios analyzed. In most future conditions and scenarios, the medium yields increase respect to their treatments with historical weather data. The greatest median increase in peanut yield is obtained in the distant future with a RCP of 8.5 Wm⁻² and 70% of water availability at the sowing date.

Keywords: Groundnut; Late leaf spot; Rust; Pod weight; MAS.

Resistencia multiple a enfermedades foliares y potencial agronómico de familias RC₃F₂ descendientes de *Arachis hypogaea* x (*A. magna* x *A. stenosperma*)^{4x}

RESUMEN

*Las enfermedades fúngicas foliares son uno de los factores que limitan el cultivo de maní en el estado de São Paulo, Brasil. Este trabajo tuvo como objetivo explorar el potencial del anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. stenosperma*)^{4x} como fuente de resistencia a las manchas foliares en el desarrollo de líneas resistentes de *A. hypogaea*, con la ayuda de la selección asistida por marcadores moleculares (SAM). Se utilizaron marcadores de microsatélites y SNP ligados a QTLs para resistencia a la viruela tardía y la roya identificados en *A. stenosperma* y *A. magna*, respectivamente. Después de tres generaciones de retrocruzamiento con SAM, se plantaron las familias RC₃F₂ desarrolladas, en la estación experimental de Pindorama, sin control químico de enfermedades, pero con los otros tratamientos culturales recomendados para el cultivo. Las plantas se evaluaron individualmente para detectar la viruela tardía y roya a los 120 días después de la siembra; y, después de cosechar las vainas, se evaluó el peso de las vainas por planta. La población tiene variabilidad para resistencia a las manchas foliares y para producción. Algunas plantas demostraron ser tan o más resistentes a las manchas foliares que el cultivar IAC Sempre Verde, un estándar de alta resistencia y alta producción. También se observó una correlación entre la resistencia a las dos enfermedades, es decir, las plantas resistentes a la viruela tardía también mostraron resistencia a la roya. Esto fue confirmado por la co-localización de los segmentos genómicos silvestres que proporcionan resistencia a ambas enfermedades. Entre las plantas más resistentes, se observaron incremento de producción. Este trabajo describe la utilidad y viabilidad del uso de especies silvestres en el mejoramiento genético del maní.*

Palabras-chave: Maní; Viruela tardía; Roya; Peso de vagens; SAM.

Introdução

As doenças fúngicas foliares constituem um dos fatores limitantes ao cultivo do amendoim no estado de São Paulo, Brasil. A mancha-preta, causada por *Cercosporidium personatum* (Berk. e Curt.) Deighton, é a doença mais frequente e de maior importância econômica, progride gradativamente até o fim do ciclo da cultura e pode causar perdas superiores a 70% na produção se o controle não for feito adequadamente (SHOKES e CULBREATH, 1997). A ferrugem das folhas, causada pelo fungo *Puccinia arachidis* Speg., embora esporádica, apresenta um grande potencial de dano, pois os esporos podem propagar-se e reproduzir-se rapidamente (MORAES e GODOY, 1997). Embora medidas de controle químico possam ser utilizadas contra as manchas foliares, o uso de variedades resistentes possibilitaria uma produção a custos mais baixos, com maior rendimento e com menor impacto ao meio ambiente.

No germoplasma silvestre do gênero *Arachis*, várias espécies são consideradas altamente resistentes a esses patógenos (SUBRAHMANYAM *et al.* 1982; PANDE e RAO, 2001; FÁVERO, 2009; MICHELOTTO *et al.* 2016). Ao abrigar 63 das 82 espécies do gênero *Arachis*, sendo 46 delas exclusivas do país, o Brasil é uma grande fonte de diversidade genética dessas espécies (VALLS, 2006), constituindo valioso acervo genético, inclusive para resistência a doenças.

O programa de melhoramento do IAC utilizou o anfidiplóide sintético (*A. magnaxA. stenosperma*)^{4x}, com alta resistência às manchas foliares, em cruzamentos com 'IAC OL4', visando transferir os genes de resistência das espécies silvestres para a cultivar. *Arachis stenosperma* é resistente às manchas fúngicas de parte aérea (FÁVERO *et al.* 2009; MICHELOTTO *et al.* 2015) e *A. magna* mostrou-se altamente resistente à ferrugem (LEAL-BERTIOLI *et al.* 2015). Este programa vem sendo conduzido com o auxílio de seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) ligados a genes de resistência (LEAL-BERTIOLI *et al.* 2009; 2015). O presente trabalho teve como objetivos (1) avaliar a frequência de plantas resistentes à mancha preta e a resistência à ferrugem em plantas RC₃F₂

após três gerações de retrocruzamentos com seleção assistida por marcadores moleculares; (2) avaliar o potencial agrônômico das plantas após três gerações de retro e (3) validar o uso de marcadores na seleção assistida..

Material e métodos

Foram avaliadas 430 plantas RC₃F₂, originadas de cruzamentos entre o genitor recorrente e feminino a cv. IAC OL 4 e o genitor masculino, o anfidiplóide sintético (*A. magna* x *A. stenosperma*)^{4x}, fonte de resistência a mancha preta e ferrugem. Após a obtenção do híbrido (F₁), realizaram-se três gerações de retrocruzamentos com seleção assistida por marcadores moleculares das plantas F₁. As plantas RC₃F₁ selecionadas foram plantadas para autofecundação e avaliadas em condições de campo neste trabalho.

O campo de famílias RC₃F₂ foi plantado em área experimental da APTA, Polo Centro Norte, em Pindorama/SP, no mês de novembro, em linhas de 15m com 30 sementes, sem controle químico das doenças foliares e na presença dos controles IAC OL 3, IAC Caiapó e IAC Sempre Verde, casualizados e repetidos no campo. Com exceção da doença, o manejo do campo seguiu as recomendações técnicas da cultura (NAKAGAWA e ROSOLEM, 2011).

Aos 120 dias após a semeadura, as plantas foram identificadas e coletados de três a quatro folíolos por planta para genotipagem. Atribuiu-se uma nota para mancha preta, empregando a escala diagramática (SUBRAHMANYAM, 1982), com notas variando de 1 a 9, conforme sintomas visuais da doença, sendo: 1 - poucas manchas e ausência de desfolha, e 9 - grande quantidade de manchas nas folhas remanescentes, com grande desfolha. As reações para ferrugem foram anotadas, atribuindo-se 1 para presença de sintomas e 0 para ausência de ferrugem. Aos 140 dias após a semeadura, colheu-se as plantas individualmente, e avaliou-se peso de vagens (g) por planta.

Para avaliar a dispersão da variável peso de vagens por planta, a mediana e o intervalo interquartil foram usados numa representação gráfica chamada boxplot. Este gráfico é constituído por um sistema de coordenada, no qual os valores da variável ficam na ordenada e numa posição da abscissa se coloca uma caixa (box) vertical para representar o intervalo interquartil, dentro da qual se anota a mediana como um traço interno horizontal. Dos limites superiores (3º quartil ou percentil 75) e inferior (1º quartil ou percentil 25) dessa caixa, traçam-se linhas verticais que se estendem até os valores máximo e mínimo aceitáveis encontrados no conjunto estudado. É aceitável o valor que não é extremo e usualmente define-se como discrepante um valor que exceda uma distância de 1,5 intervalos interquartil, quer para cima ou para baixo. As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes (CRUZ, 2013) e no Programa R (R CORE TEAM, 2019).

As análises genético-moleculares foram realizadas na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e na Universidade da Georgia. As plantas RC₁F₁, RC₂F₁ e RC₃F₁ foram genotipadas com marcadores microssatélites ligados a QTLs para resistência à mancha preta identificados em *A. stenosperma*, nos cromossomos A01, A02, A04 e A06 (LEAL-BERTIOLI *et al.*, 2009) e marcadores SNPs associados a um consistente QTL para resistência à ferrugem, localizado no cromossomo B08 de *A. magna* (LEAL-BERTIOLI *et al.*, 2015).

As análises com marcadores microssatélites e SNPs (“foreground selection”) foram realizadas de acordo com Moretzsohn *et al.* (2013) e Leal-Bertioli *et al.* (2015), respectivamente. Para genotipagem das famílias RC₃F₂ foi utilizado o chip *Arachis* v.02 (KORANI *et al.*, 2019), contendo cerca de 48.000 SNPs, para monitoramento dos segmentos genômicos silvestres introgrididos, visando à seleção de plantas com os segmentos de resistência e com maior porcentagem do genoma de *A. hypogaea* (“background selection”).

Resultados e discussão

Resistência à mancha preta em plantas RC₃F₂

A frequência observada (FO) de notas de mancha preta das 430 plantas RC₃F₂ foi plotada em vermelho; em azul, estimou-se a frequência de plantas esperada (FE) numa população F₂ com distribuição normal dos dados (**Figura 1**). As notas de doença variaram de 1,5 a 8,5. Sendo que 4,8% das plantas apresentaram notas entre 1,5 e 3,0; portanto, tão resistentes quanto a cv IAC Sempre Verde, com média 3,0. 31,9% das plantas tiveram notas entre 3,5 e 6,0, ou seja, entre a IAC Sempre Verde e IAC Caiapó, cuja nota média foi de 6,5. 13,6 % das plantas apresentaram a mesma nota de IAC Caiapó; e 49,7% das plantas tiveram notas entre 7,0 e 8,5, incluindo a cv IAC OL 3. Comparando-se as frequências de plantas observadas com a esperadas, com o teste de qui-quadrado, não foi possível concluir pela distribuição normal dos dados.

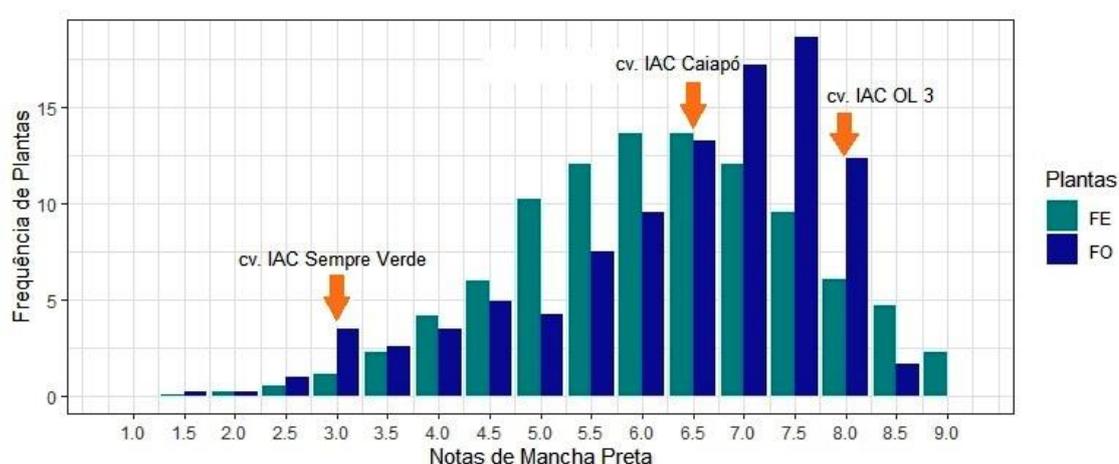


Figura 1: Frequência de plantas observadas na população RC₃F₂ (FO) e frequência esperada (FE) numa população com distribuição normal dos dados.

Resistência múltipla para ferrugem e mancha preta em plantas RC₃F₂

O número de plantas com ou sem sintomas de ferrugem, em relação à nota de mancha preta foi apresentado na **Figura 2**. Entre as plantas com notas de mancha preta inferior ou igual a 3,0 praticamente não se observou sintoma da ferrugem. Com notas entre 3,5 e 6,0, o número de plantas sem sintomas foi superior ao número de plantas com sintomas de ferrugem. A

partir da nota 6,5, nota média de IAC Caiapó, o número de plantas com sintomas aumentou em relação às notas anteriores. Com nota superior a 7,0, há um aumento do número de plantas com ferrugem. As estimativas de correlação de Pearson entre notas de mancha preta e o número de plantas com sintomas de ferrugem foi de 0,70 e não significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

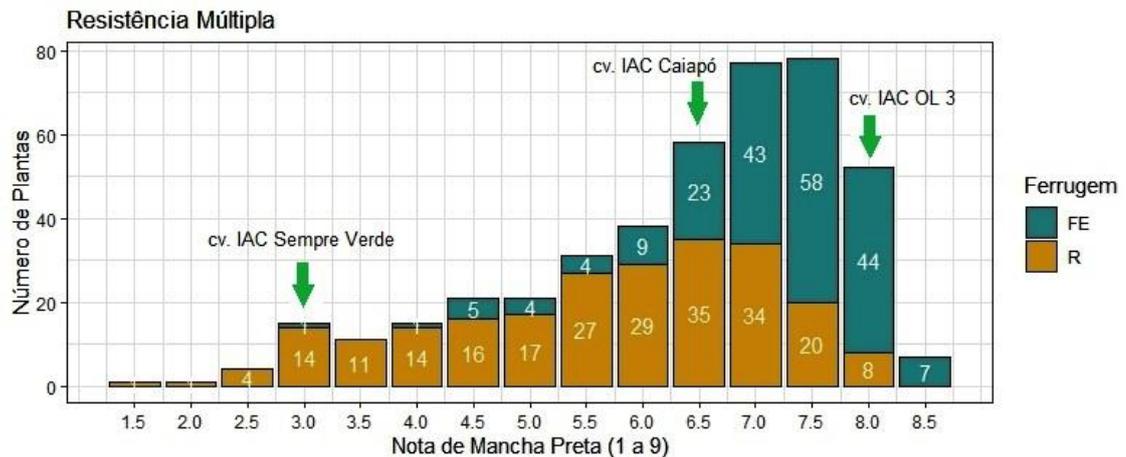


Figura 2: Número de plantas com sintomas de ferrugem/suscetíveis (FE) e número de plantas sem sintomas/resistentes (R), em relação à nota de mancha preta.

Seleção assistida por marcadores para resistência à ferrugem e mancha preta

As 430 plantas RC₃F₂ foram genotipadas com o chip da Affymetrix, contendo cerca de 48.000 SNPs. Essas plantas foram selecionadas com base em marcadores moleculares em gerações anteriores (“foreground e background selection”), e portanto, possuem os segmentos genômicos silvestres de interesse e porções variáveis do genoma de *A. hypogaea*. Obviamente, como são plantas F₂, os locos ainda segregam. No entanto, por meio de uma análise de correlação de Pearson entre as notas de mancha preta e o número de alelos silvestres, pode-se observar que os quatro segmentos genômicos provenientes de *A. stenosperma* conferem resistência à mancha preta, validando os marcadores previamente identificados (**Figura 3A**). Além disso, pode-se observar que há vários segmentos do genoma de *A. magna* conferindo suscetibilidade à mancha preta.

No caso de ferrugem, o QTL identificado previamente no final do cromossomo B08 (identificado por um círculo na **Figura 3B**) também foi validado, com o segmento de *A. magna* conferindo resistência. Além disso, os segmentos silvestres que conferem resistência a mancha preta, localizados nos cromossomos A01, A02, A04 e em menor escala, A06 também conferem resistência a ferrugem, levando a uma resistência múltipla.

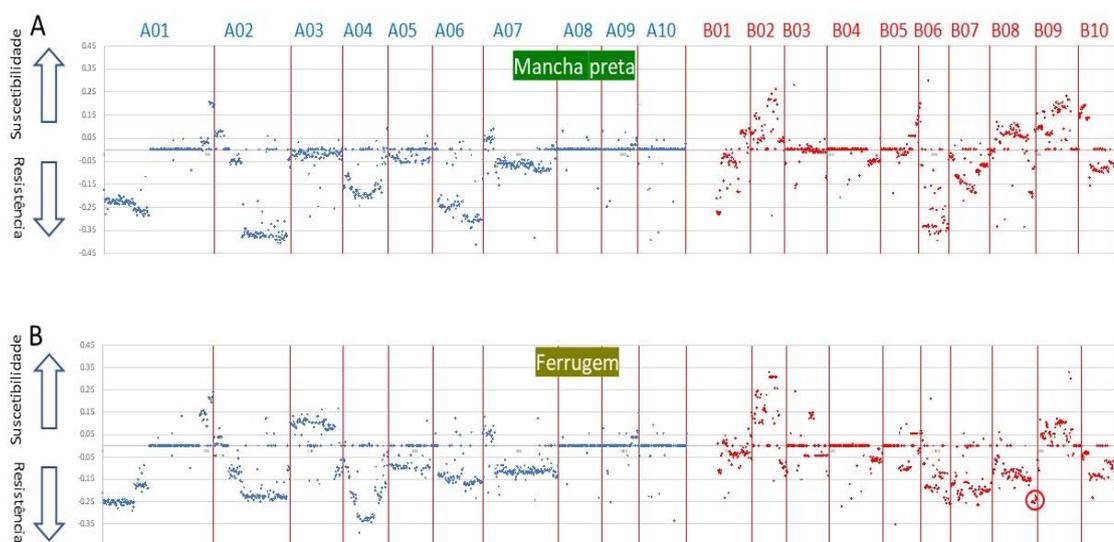


Figura 3: Associação de marcadores moleculares com notas de resistência a mancha preta (A) e ferrugem (B) plotada contra os genomas de *A. stenosperma* (genoma A, cromossomos A01 a A10) e *A. magna* (genoma B, cromossomos B01 a B10). Pontos menores que zero indicam que o genoma silvestre está associado à resistência e pontos acima de zero, com suscetibilidade.

Avaliação da produtividade e da resistência à mancha preta em plantas RC₃F₂

Para descrever a dispersão de peso de vagens das plantas F₂, avaliou-se a mediana e os percentis fixando-se as notas de doenças. Os resultados foram comparados com IAC Sempre Verde (**Figura 4**). Observando-se as produções, pode-se concluir pela amplitude entre os valores máximo e mínimo para cada uma das classes de notas de resistência. As medianas das plantas com notas 1,5, 2,0, 2,5 e 3,0 foram de 209 g, 199 g, 187 g e 178 g, respectivamente, ou seja, pelo menos 50% das plantas produziram 193 g de vagens por planta. Algumas plantas com nota 3,0 mostraram-se tão produtivas quanto IAC Sempre Verde. Entre as plantas com nota 4,0, observou-se a maior mediana para peso de grãos (244 g), e o

terceiro quartil foi de 200 g, com plantas mais produtivas do que IAC Sempre Verde. Entre 4,5 e 6,0, notas de resistência entre IAC Sempre Verde e IAC Caiapó, a mediana de produção foi de 131 g, excetuando-se as plantas com nota 4,5 com mediana de 176 g. Para as plantas com nota 6,5, nota média da cultivar Caiapó, o terceiro quartil foi um dos maiores da população, com algumas plantas tão ou mais produtivas do que IAC Caiapó que produziu 194,6 g por planta, em média. A maioria das plantas com notas entre 6,5 e 8,5 não foi tão produtiva quanto IAC Sempre Verde. Entre as plantas mais suscetíveis, com nota 8,5, observou-se a menor mediana para peso de vagens na população. As plantas com notas entre 7,0 e 8,5 representam 50% da população. A outra metade da população possui notas que variaram entre 1,5 e 6,5. Nesta faixa de notas, foram encontradas plantas tão produtivas quanto IAC Sempre Verde e com amplitude de produção.

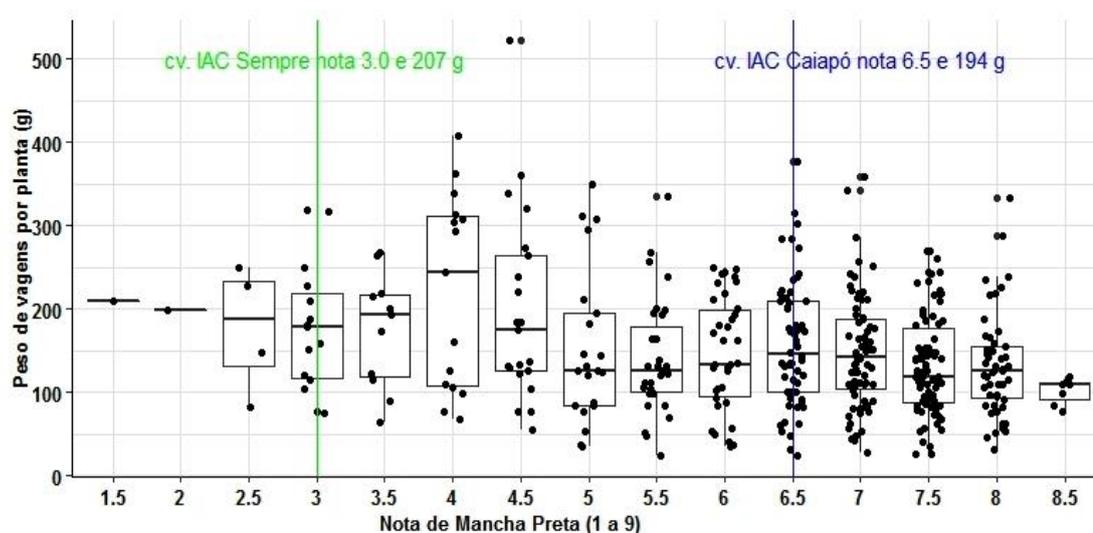


Figura 4: Mediana e percentis da produção de vagens das plantas (g) de 430 plantas RC₃F₂, fixando as notas para mancha preta.

Após três gerações de seleção assistida com marcadores moleculares, a presença de plantas resistentes e produtivas corrobora com a hipótese de que os marcadores são úteis ao melhoramento genético de plantas, conforme resultados alcançados por Foncéka *et al.* 2009, que utilizaram marcadores no desenvolvimento de linhas de introgressão interespecífica com economia de tempo e trabalho. Neste trabalho, também houve economia de tempo e trabalho, pois, não ocorreu seleção de campo nas gerações que precederam RC₃F₁.

Conclusões

A população tem variabilidade para resistência a mancha preta e ferrugem e as melhores plantas combinam resistência múltipla a maior peso de grãos por vagens, com resistência e produção similares ou mesmo superiores às da cultivar IAC Sempre Verde. O uso de seleção assistida por marcadores possibilitou o monitoramento dos segmentos silvestres introgridos e a recuperação rápida e eficiente do genoma de *A. hypogaea*. Esse trabalho confirma a utilidade e a viabilidade do uso de espécies silvestres e da seleção assistida por marcadores no melhoramento do amendoim.

Referências

CRUZ, Cosme Damião. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, [S.L.], v. 35, n. 3, p. 271-276, 11 jul. 2013. Universidade Estadual de Maringá. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

FÁVERO, Alessandra Pereira; MORAES, Sérgio Almeida de; GARCIA, Antonio Augusto Franco; VALLS, José Francisco Montenegro; VELLO, Natal Antonio. Characterization of rust, early and late leaf spot resistance in wild and cultivated peanut germplasm. **Scientia Agricola**, [S.L.], v. 66, n. 1, p. 110-117, fev. 2009. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0103-90162009000100015>

FONCÉKA, Daniel; HODO-ABALO, Tossim; RIVALLAN, Ronan; FAYE, Issa; SALL, Mbaye; NDOYE, Ousmane; FÁVERO, Alessandra P; BERTIOLI, David J; GLASZMANN, Jean-Christophe; COURTOIS, Brigitte. Genetic mapping of wild introgressions into cultivated peanut: a way toward enlarging the genetic basis of a recent allotetraploid. **Bmc Plant Biology**, [S.L.], v. 9, n. 1, p. 103 2009. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2229-9-103>

KORANI, Walid; CLEVENGER, Josh P.; CHU, Ye; OZIAS-AKINS, Peggy. Machine Learning as an Effective Method for Identifying True Single Nucleotide Polymorphisms in Polyploid Plants. **The Plant Genome**, [S.L.], v. 12, n. 1, p. 1-10, mar. 2019. Wiley. <http://dx.doi.org/10.3835/plantgenome2018.05.0023>

LEAL-BERTIOLI, Soraya C. M.; JOSÉ, Ana; ALVES-FREITAS, Dione Mt; MORETZSOHN, Márcio C; GUIMARÃES, Patrícia M.; NIELEN, Stephan; VIDIGAL, Bruna s; PEREIRA, Rinaldo W; PIKE, Jodie; FÁVERO, Alessandra P. Identification of candidate genome regions controlling disease resistance in *Arachis*. **Bmc Plant Biology**, [S.L.], v. 9, n. 1, p. 112, 2009. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2229-9-112>

LEAL-BERTIOLI, Soraya C. M.; CAVALCANTE, Uiara; GOUVEA, Ediene G.; BALLÉN-TABORDA, Carolina; SHIRASAWA, Kenta; GUIMARÃES, Patrícia M.; JACKSON, Scott A.; BERTIOLI, David J.; MORETZSOHN, Márcio C. Identification of QTLs for Rust Resistance in the Peanut Wild Species *Arachis magna* and the Development of KASP Markers for Marker-Assisted Selection. **G3: Genes|Genomes|Genetics**, [S.L.], v. 5, n. 7, p. 1403-1413, 5 maio 2015. Genetics Society of America. <http://dx.doi.org/10.1534/g3.115.018796>

MICHELOTTO, Marcos Doniseti; BARIONI, Waldomiro; RESENDE, Marcos Deon Vilela de; GODOY, Ignácio José de; LEONARDECZ, Eduardo; FÁVERO, Alessandra Pereira. Identification of Fungus Resistant Wild Accessions and Interspecific Hybrids of the Genus *Arachis*. **Plos One**,

[S.L.], v. 10, n. 6, p. e0128811, 19 jun. 2015. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0128811>

MICHELOTTO, Marcos Doniseti; GODOY, Ignácio José de; SANTOS, João Francisco dos; MARTINS, Antonio Lucio Mello; LEONARDECZ, Eduardo; FÁVERO, Alessandra Pereira. Identifying *Arachis* Amphidiploids Resistant to Foliar Fungal Diseases. **Crop Science**, [S.L.], v. 56, n. 4, p. 1792-1798, jul. 2016. Wiley. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0393>

MORAES, Sérgio A.; GODOY, Ignácio J. Amendoim - Controle de Doenças. In: ZAMBOLIM, L.; VALE, F.X.R. (eds.) **Controle de doenças de plantas: Grandes culturas**. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa; Brasília, Ministério da Agricultura e do Abastecimento, Suprema Gráfica e Editora Ltda., 1:1-49, 1997.

MORETZSOHN, Márcio C.; GOUVEA, Ediene G.; INGLIS, Peter W.; LEAL-BERTIOLI, Soraya C. M.; VALLS, José F. M.; BERTIOLI, David J. A study of the relationships of cultivated peanut (*Arachis hypogaea*) and its most closely related wild species using intron sequences and microsatellite markers. **Annals of Botany**, [S.L.], v. 111, n. 1, p. 113-126, 6 nov. 2012. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcs237>

NAKAGAWA, João; ROSOLEM, Ciro A. **O amendoim: tecnologia de produção**. Botucatu: FEPAF, 2011. 325 p.

PANDE, S.; RAO, J. Narayana. Resistance of Wild *Arachis* Species to Late Leaf Spot and Rust in Greenhouse Trials. **Plant Disease**, [S.L.], v. 85, n. 8, p. 851-855, ago 2001. Scientific Societies. <http://dx.doi.org/10.1094/pdis.2001.85.8.851>

R Core Team (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 09 maio de 2020.

SHOKES, F.M.; CULBREATH, A.K. (1997) Early and late leafspots. In: KOKALIS-BURELLE, N.; PORTER, D. M.; RODRIQUEZ-KABANAV, R.; SMITH, D.H.; SUBRAHMANYAM, P. (Eds.). **Compendium of Peanut Diseases**, 2nd Edition. APS Press, The American Phytopathological Society, St. Paul, Minnesota, p. 17–20.

SUBRAHMANYAM, P.; McDONALD, D.; GIBBONS, R.W.; NIGAM, S.N.; NEVILL, D.J. Resistance to rust and late leafspot diseases in some genotypes of *Arachis hypogaea*. **Peanut Science** v.9, p.6-10, 1982.

VALLS, José F. M. Manejo de Recursos Genéticos Nativos - O exemplo de *Arachis*. In: MARIATH, J.E.A.; SANTOS, R.P.(Org.). Os Avanços da Botânica no Início do Século XXI: Morfologia, Fisiologia, Taxonomia, Ecologia e Genética. Porto Alegre: **Sociedade Botânica do Brasil**, 2006, p.157-161.