

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

**CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DO PINHÃO-MANSO**  
*(Jatropha curcas L.)*

**BRUNO PORTELA BRASILEIRO**

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA  
DEZEMBRO - 2010

# **CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DO PINHÃO-MANSO**

*(Jatropha curcas L.)*

**BRUNO PORTELA BRASILEIRO**

Biólogo

Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2009

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

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

Co-orientador: Dr. Deoclides Ricardo de Souza

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA TROPICAL  
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2010

## FICHA CATALOGRÁFICA

B823 Brasileiro, Bruno Portela.  
Conservação e melhoramento genético do pinhão-  
manso (*Jatropha curcas* L.) / Bruno Portela Brasileiro.\_\_\_\_  
Cruz das Almas-BA, 2010.  
83f.; il.

Orientadora: Simone Alves Silva.

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

1.Pinhão-manso - Cultivo. 2.Melhoramento genético -  
Germinação. I.Universidade Federal do Recôncavo da  
Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e  
Biológicas. II.Título.

CDD: 633.85

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

**COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE  
BRUNO PORTELA BRASILEIRO**

---

Dra. Simone Alves Silva  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
(Orientadora)

---

Dr. Eder Jorge de Oliveira  
Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical

---

Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra  
Universidade do Estado de Santa Catarina

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

## **AGRADECIMENTOS**

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), ao Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) e Embrapa Mandioca e Fruticultura pela concessão da bolsa e apoio financeiro durante o desenvolvimento da pesquisa.

## SUMÁRIO

Página

RESUMO

ABSTRACT

INTRODUÇÃO.....1

Capítulo 1

COLETA E CONSERVAÇÃO DO PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) NO ESTADO DA BAHIA, BRASIL.....11

Capítulo 2

PROPAGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GERMINAÇÃO E VELOCIDADE DE EMERGÊNCIA EM SEMENTES DE PINHÃO-MANSO.....28

Capítulo 3

PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO PARA CARACTERES VEGETATIVOS E DE PRODUÇÃO EM PINHÃO-MANSO.....47

Capítulo 4

TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA ANÁLISE DE DISSIMILARIDADE EM PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.).....65

CONSIDERAÇÕES FINAIS.....80

ANEXO.....81

# CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DO PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.)

Autor: Bruno Portela Brasileiro

Orientadora: Simone Alves Silva

Co-orientador: Deoclides Ricardo de Souza

## RESUMO

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) tem sido considerado uma boa opção de cultivo agrícola em áreas de solos pobres, pedregosos e quase não agricultáveis, sendo considerada uma alternativa à agricultura familiar e aos programas de biodiesel. Com a finalidade de dar continuidade aos programas de conservação e melhoramento genético da espécie, este trabalho teve como objetivos coletar, introduzir e avaliar os acessos de Pinhão-manso no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB). Foram encontradas 128 plantas em 23 localidades no Estado da Bahia, 44 indivíduos foram amostrados e georreferenciados, outros 17 acessos foram introduzidos por meio de intercâmbio com a Universidade Federal de Viçosa (UFV). Também foram estimados parâmetros genéticos para os caracteres, percentagem de germinação e o índice de velocidade de emergência (IVE) em 27 acessos coletados. Com a seleção dos 11 melhores acessos os ganhos de seleção estimados foram de 29,94% e de 7,14% para germinação e IVE, respectivamente. No teste de progênie com 20 famílias de meios irmãos os valores de herdabilidade no sentido amplo foram de 35% para número de sementes (NS), 50% para número de cachos (NC), 47% para número de frutos (NF) e de 66% para estatura de plantas (EP), revelando boas perspectivas para seleção precoce. Na estimativa da divergência genética entre as 20 famílias, a estratégia Ward-MLM permitiu a formação de agrupamentos mais compactos e com maior heterogeneidade entre grupos, permitindo uma melhor classificação dos genótipos avaliados.

Palavras-chave: Biocombustível, Banco de Germoplasma e Diversidade Genética

# **GENETIC IMPROVEMENT AND CONSERVATION OF PHYSIC NUT (*Jatropha curcas* L.)**

Author: Bruno Portela Brasileiro

Adivisor: Simone Alves Silva

Co-advvisor: Deoclides Ricardo de Souza

## **ABSTRACT**

The physic nut (*Jatropha curcas* L.) has been considered a good option of agriculture in areas of poor, rocky and almost no arable soil, being considered an alternative to conservation and breeding of the species, this study aimed to collect, introduce and available physic nut accessions in the germplasm active bank of Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB). We have found 128 plants in 23 locations in the State of Bahia, 44 individuals were sampled and another 17 accessions were introduced through trade with the Universidade Federal de Viçosa (UFV). There were also estimated genetic parameters for characters, germination and emergence rate index in the 27 accessions collected. Selection gain estimates were 29.94% and 7.14% for germination and IVE, respectively, with the selection of the 11 best accessions. The values of broad sense heritability were 35% for number of seeds (NS), 50% for number of clusters (NC), 47% for number of fruits (NF) and 66% for plant height (PH), indicating good prospects for selection early. In the estimation of genetic divergence in 20 half sib families the Ward-MLM strategy allowed the formation of clusters more compact and with more heterogeneity between groups allowing a better classification of genotypes.

Keywords: Biofuel, Germplasm Bank and Genetic Diversity.



## INTRODUÇÃO

A produção de biodiesel é estratégica para o Brasil e pode significar uma revolução no campo, gerando emprego, renda e desenvolvimento, especialmente para as regiões Norte e Nordeste, pois a demanda mundial por combustíveis de origem renovável será crescente e o país tem todas as condições para se tornar um grande produtor, por apresentar um potencial incomparável para produção de biomassa para fins energéticos (Lima, 2004).

O uso de óleo vegetal para produção de biodiesel é uma das alternativas para diminuição da dependência de petróleo e da emissão de poluentes, a exemplo de gases que provocam vários impactos ambientais (Agarwal, 2007).

Sobre uma ótica de sistema de produção sustentável é previsto um aumento da demanda de oleaginosas em todo o mundo, principalmente tendo em vista a obrigatoriedade em alguns países da mistura de porcentagens cada vez maiores de biodiesel ao diesel mineral, no caso do Brasil, 5% (B5).

Esta demanda só será suprida se forem desenvolvidas variedades, o que depende de suporte financeiro e humano, e a necessidade de formação e integração de uma rede de pesquisas multidisciplinar (Marques & Ferrari, 2008).

O gênero *Jatropha* pertencente à Euphorbiaceae possui cerca de 170 espécies de plantas herbáceas e arbustivas (Webster, 1994), destas, 18 espécies são encontradas no Brasil e 9 foram coletadas por Spix e Martius no Estado da Bahia (Müller, 1873).

Espécies de *Jatropha* ocorrem em áreas secas da caatinga e cerrado (Dehgan & Schutzman, 1994), sendo de intensa utilização na medicina popular no tratamento de alguns processos patológicos como reumatismo, hidropsias, neoplasias e úlceras, além de serem empregadas como diurético e antihipertensivo (Aquino et al., 2006). Algumas espécies também são utilizadas na ornamentação e produção de óleo.

Dentre as espécies do gênero, a *J. curcas* tem sido uma alternativa aos programas de biodiesel, devido a sua alta produtividade e rusticidade aliada à qualidade do óleo extraído de suas sementes (Openshaw, 2000; Saturnino et al., 2005), que contêm entre 30-35% de óleo que pode ser convertido em biodiesel via trans-esterificação (Foidl et al., 1996).

A espécie tem sido considerada uma boa opção de cultivo agrícola em áreas de solos pobres, pedregosos e quase não agricultáveis, de baixa e alta precipitação, apresentando rápido crescimento, fácil propagação, baixo custo de sementes e elevado teor de óleo (Openshaw, 2000; Arruda et al., 2004), sendo uma alternativa a agricultura familiar e aos programas de biodiesel (Nunes, 2007).

Popularmente, é conhecido como pinhão-manso, pinhão-branco, pinhão de purga e pinhão-paraguaio (Brasil); physic nut, purging nut (Inglês); tempate (Honduras e El Salvador); médicinier, pignon d'Indi, purghere (França); kadan (Nepal) yu-lu-tsu (China); mupuluka (Angola); butuje (Nigéria) e piñoncillo (México) (Nunes, 2007).

Existem controvérsias quanto ao centro de diversidade da *J. curcas*. Segundo Arruda et al., (2004) a espécie é originária do Brasil, tendo sido introduzida por navegadores portugueses nas Ilhas do Arquipélago de Cabo Verde e Guiné, de onde foi disseminada pelo continente Africano e Asiático. Para Heller, (1996) e Sujatha et al. (2008) há evidências de que o centro de diversidade seja a América Central, mais precisamente o México.

O pinhão-manso é uma planta monóica, alógama, autocompatível e necessita de polinizadores (Chang-Wei et al., 2007; Paiva Neto et al., 2010). A espécie é diplóide ( $2n=2x=22$ ) com um genoma composto de 0,85 pg DNA/2C com 38,7% de bases GC em 5 cromossomos metacêntricos e 6 submetacêntricos (Carvalho et al., 2008).

Somente nos últimos 30 anos é que iniciaram estudos agronômicos sobre a espécie, sendo uma planta ainda não domesticada (Saturnino et al., 2005; Fairless, 2007; Achten et al., 2008). Pouco é conhecido da fisiologia da espécie e aspectos agronômicos devem ser melhor investigados (Achten et al., 2010).

Por meio da Instrução Normativa n. 4 de janeiro de 2008 o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), autorizou a inscrição da espécie *Jatropha curcas* L. no Registro Nacional de Cultivares (RNC). A proibição de cultivo da espécie decorria, sobretudo, da ausência de pesquisas sobre o

desempenho agrônomo da cultura, ausência de variedades desenvolvidas a partir de programas de melhoramento e ausência de estudos básicos sobre o desempenho das sementes (Brasil, 2008).

Pesquisas com a espécie têm sido direcionadas para o entendimento da diversidade genética (Sun et al., 2008; Pamidimarri et al., 2009a; Kumar et al., 2009a; Kumar et al., 2009b; Basha & Sujatha 2009; Basha et al., 2009), distribuição geográfica (Sunil et al., 2009), teor e composição do óleo (Teixeira, 1987; Kaushik et al., 2007; Basha & Sujatha, 2007; Pamidimarri et al., 2009b), fenologia reprodutiva (Bhattacharya et al., 2005; Chang-wei et al., 2007; Rao et al., 2008; Paiva Neto et al., 2010), morfologia de frutos e sementes (Nunes et al., 2009), necessidades e deficiências nutricionais (Laviola & Dias, 2008; Silva et al., 2009) testes de progênies (Kaushik et al., 2007; Rao et al., 2008; Abreu et al., 2009, Juhász et al., 2010; Carvalho, 2010) e germinação de sementes (Martins et al., 2008).

O plantio e as pesquisas com pinhão-mansinho vêm crescendo no México, Índia, China, Brasil e países da África. Tornando-se fundamental, o estabelecimento de normas para o comércio de sementes da espécie, uma vez que muitas das sementes e mudas comercializadas são provenientes de poucas plantações e de plantas não avaliadas quanto ao seu potencial produtivo.

Segundo Openshaw (2000) a produtividade pode variar de 0,5 até 12 toneladas por hectare e pode se estender por mais de 30 anos, dependendo do tipo de solo, disponibilidade de nutrientes e regime de chuvas. Para Basha et al. (2009) o cultivo da espécie requer pouca tecnologia e baixo investimento inicial. Entretanto, até o presente momento nenhuma variedade com características desejáveis para condições específicas de crescimento e sistema de produção está disponível, o que torna o seu plantio em larga escala um negócio de risco (Jongschaap et al., 2007).

Embora existam programas de melhoramento do pinhão-mansinho em diferentes instituições de ensino, pesquisa e extensão rural (EBDA, Embrapa, EPAMIG, IAC, UFLA, UFMS, UFRB, UFS, UFV) ainda são necessários maiores estudos e de forma conjunta para resultar em lançamento de cultivares capazes de recomendação para o agricultor.

As espécies cultivadas na agricultura tradicional e em pomares domésticos necessitam ser estudadas para que os seus recursos genéticos possam ser

desenvolvidos e venham compor o elenco de variedades e clones utilizados no agronegócio do Estado da Bahia (Queiróz, 2005).

Para a implantação de um programa de melhoramento do pinhão-manso, a premissa básica é o entendimento da base genética dos genótipos existentes e a posterior necessidade de melhoramento destes, com hibridação ou somente seleção a partir da identificação de genótipos promissores.

Existem procedimentos apropriados a serem utilizados nas diferentes etapas de um programa de melhoramento, sendo que na etapa inicial é fundamental a formação de uma população-base de bom desempenho, com ampla variabilidade, baixa carga genética e boa adaptação. No segundo momento se objetiva o aumento da frequência de alelos favoráveis e a maximização dos ganhos genéticos. Na terceira etapa o objetivo é dispor de material melhorado de ampla adaptabilidade e estabilidade (Cruz et al., 2007).

A criação de Bancos de Germoplasma tem contribuído para a manutenção da variabilidade genética e constituindo a “fonte genética” usada pelo melhorista para desenvolver novas cultivares (Borém, 2001).

Estudos recentes com marcadores moleculares demonstraram baixa variabilidade nas coleções de trabalho de *J. curcas* em Bancos de Germoplasma da China (Sun et al., 2008), Índia (Pamidimarri et al., 2009a) e Brasil (Rosado et al., 2009).

Em maio de 2008, Carvalho (2010) introduziu 20 acessos de *J. curcas* no Campus da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO). Estes acessos foram coletados na Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA) nas estações experimentais de Alagoinhas e Irará.

O Estado da Bahia devido a sua extensa área costeira e ao histórico de ocupação, contribuiu para a introdução de germoplasma no país (Romão, 1995). Portanto, expedições de coleta e análises de diversidade genética no Estado da Bahia são fundamentais na busca do entendimento do padrão de distribuição da diversidade alélica do pinhão-manso.

Com a finalidade de dar continuidade aos programas de conservação e melhoramento genético da espécie, este trabalho teve como principal objetivo coletar acessos de pinhão-manso em diferentes regiões do Estado da Bahia e introduzi-los no Banco de Germoplasma de pinhão-manso da UFRB, visando a

ampliação da base genética da espécie para uso em programas de melhoramento e conservação genética.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F.B.; RESENDE, M.D.V.de.; ANSELMO, J.L.; SATURNINO, H.M.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B. de. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-manso na fase juvenil. **Magistra**, v.21, p.36-40, 2009.

ACHTEN, W.M.J.; MATHIJS, E.; VERCHOT, L.; SINGH, V.P.; AERTS, R.; MUYS, B. *Jatropha* bio-diesel production and use. **Biomass & Bioenergy**, v.32, p.1063-1084, 2008.

ACHTEN, W.M.J.; NIELSEN, L.R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A.G.; KJAER, E.D.; TRABUCO, A.; HANSEN, J.K.; MAES, W.H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v.1, p.91-107, 2010.

AGARWAL, A.K. Biofuels (alcohols and biodiesel) applications as fuels for internal combustion engines. **Progress in Energy and Combustion Science**, v.33, p.233-271, 2007.

AQUINO, J.U.; CZECZKO, N.G.; MALAFAIA, O.; DIETZ, U.A.; RIBAS FILHO, J.M.; NASSIF, P.A.N.; ARAÚJO, U.; BORONCELLO, J.; SANTOS, M.F.S.; SANTOS, E.A.A. Avaliação fitoterápica da *Jatropha gossypifolia* L. na cicatrização de suturas na parede abdominal ventral de ratos. **Acta Cirúrgica Brasileira**, v.21, p.61- 66, 2006.

ARRUDA, F.P.de.; BELTRÃO, N.E.de.M.; ANDRADE, A.P.de.; PEREIRA, W.E.; SEVERINO, L.S. Cultivo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) como alternativa para o semiárido nordestino. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v.8, p.789-799, 2004.

BASHA, S.D.; SUJATHA, M. Inter and intra-population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. **Euphytica**, v.156, p.375-386, 2007.

BASHA, S.D.; SUJATHA, M. Genetic analysis of *Jatropha* species and interspecific hybrids of *Jatropha curcas* using nuclear and organelle specific markers. **Euphytica**, v.168, p.197-214, 2009.

BASHA, S.D.; FRANCIS, G.; MAKKAR, H.P.S.; BECKER, K.; SUJATHA, M. A comparative study of biochemical traits and molecular markers for assessment of genetic relationships between *Jatropha curcas* L. germplasm from different countries. **Plant Science**, v.176, p.812-823, 2009.

BHATTACHARYA, A.; DATTA, K.; DATTA, S.K. Floral biology, floral resource constraints and pollination limitation in *Jatropha curcas* L. **Pakistan Journal Biology Science**, v.8, p.456-460, 2005.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 3ªed. Viçosa:UFV, 2001, 500p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução Normativa n. 4 de 14 de janeiro de 2008. **Diário Oficial da União**, p.4, 2008.

CARVALHO, C. R.; CLARINDO, W. R.; PRAÇA, M. M.; ARAÚJO, F. S.; CARELS, N. Genome size, base composition and karyotype of *Jatropha curcas* L., an important biofuel plant. **Plant Science**, v.174, p.613-617, 2008.

CARVALHO, D.S. **Comportamento genético de progênes de meios irmãos de pinhão manso no recôncavo baiano, Brasil**. 2010. 41f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2010.

CHANG-WEI, L.; KUN, L.; YOU, C.; YONG-YU, S. Floral display and breeding system of *Jatropha curcas* L. **Forestry Studies in China**, v.9, p.114-119, 2007.

CRUZ, C.D.; MOURA, M.C.C.L.; FERREIRA, A.; MASCARENHAS, K.M.;

ARAÚJO, J.R.G.; MARTINS, M.R. Utilização da biometria no melhoramento genético do bacurizeiro. In: LIMA, M.C. (Org.). **Bacuri: (*Platonia insignis* Mart.-Clusiaceae). Agrobiodiversidade**. São Luiz: Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura, 2007, 210p.

DEHGAN, B.; SCHUTZMAN, B. Contributions toward monograph of neotropical *Jatropha*: phenetic and phylogenetic analyses. **Annals Missouri Botanical Garden**, v.81, p.349-367, 1994.

FAIRLESS, D. Biofuel: the little shrub that could – maybe. **Nature**, v.449, p.652-655, 2007.

FOIDL, A.; FOIDL, G.; SANCHEZ, M.; MITTELBACH, M.; HACKEL, S. *Jatropha curcas* L. as a source for the production of biofuel in Nicaragua. **Bioresource Technology**, v. 58, p.77-82, 1996.

HELLER, J. **Physic nut (*Jatropha curcas*): promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops**. Rome: Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 1996. 66p.

JONGSCHAAP, R.E.E.; CORRÉ, W.J.; BINDRABAN, P.S.; BRANDENBURG, W.A. **Claims and facts on *Jatropha curcas* L.: Global *Jatropha curcas* evaluation and propagation programme**. Plant Research International, Wageningen, 2007, 66p.

JUHÁSZ, A.C.P.; MORAIS, D.L.B.; SOARES, B.O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H.O.; RESENDE, M.D.V.de. Parâmetros genéticos e ganho de seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.30, p.25-35, 2010.

KAUSHIK, N.; KUMAR, K.; KUMAR, S.; KAUSHIK, N.; ROY, S. Genetic variability and divergence studies in seed traits and oil content of *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.) accessions. **Biomass & Bioenergy**, v.31, p.497-502, 2007.

KUMAR, R.S.; PARTHIBAN, K.T.; RAO, M.G. Molecular characterization of *Jatropha* genetic resources through inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. **Molecular Biology Report**, v.36, p.1951-1956, 2009a.

KUMAR, R.V.; TRIPATHI, Y.K.; HUKLA, P.; AHLAWAT, S.P.; GUPTA, V.K. Genetic diversity and relationships among germplasm of *Jatropha curcas* L. revealed by RAPDs. **Trees**, v.23, p.1075-1079, 2009b.

LAVIOLA, B.G.; DIAS, L.A.S. Teor e acúmulo de nutrientes em folhas e frutos de pinhão-manso. **Revista Brasileira de Ciências do Solo**, v.32, p.1969-1975, 2008.

LIMA, P.C.R. **O biodiesel e a inclusão social**. Brasília. Consultoria Legislativa. 2004. 33p.

MARQUES, D.A.; FERRARI, R.A. O papel das novas biotecnologias no melhoramento genético do pinhão manso. **Biológico**, v.70, p.65-67, 2008.

MARTINS, C.C.; MACHADO, C.G.; CAVASINI, R. Temperatura e substrato para o teste de germinação de sementes de pinhão-manso. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, p.863-868, 2008.

MÜLLER, J. Euphorbiaceae. In: Martius, C.F.P.; Eichler, A.G. (Org.). **Flora Brasiliensis**, 1873, v.11, p.1-752.

NUNES, C. F. **Caracterização de frutos, sementes e plântulas e cultivo de embriões de Pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)**. 2007. 78f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

NUNES, C.F.; SANTOS, D.N.dos.; PASQUAL, M.; VALENTE, T.C.T. Morfologia externa de frutos, sementes e plântulas de pinhão manso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.207-210, 2009.



OPENSHAW, K. A review of *Jatropha curcas*: an oil plant of unfulfilled promise. **Biomass & Bioenergy**, v.19, p.1-15, 2000.

PAIVA NETO, V.B.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B.; ZUFFO, M.C.R.; ALVAREZ, R.C.F.A. Aspectos da biologia reprodutiva de *Jatropha curcas* L. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, p. 558-563, 2010.

PAMIDIMARRI, D.V.N.S.; MASTAN, S.G.; RAHMAN, H.; REDDY, M.P. Molecular characterization and genetic diversity analysis of *Jatropha curcas* L. in India using RAPD and AFLP analysis. **Molecular Biology Report**, 2009a.

PAMIDIMARRI, D.V.N.S.; SINGH, S.; MASTAN, S.G.; PATEL, J.; REDDY, M.P. Molecular characterization and identification of markers for toxic and non-toxic varieties of *Jatropha curcas* L. using RAPD, AFLP and SSR markers. **Molecular Biology Report**, v.36, p.1357-1364, 2009b.

QUEIRÓZ, M.A. Importância dos Recursos Genéticos para o Estado da Bahia. In: ROMÃO, R.L.; RAMOS, S.R.R (Org.). **Recursos Genéticos Vegetais no Estado da Bahia**. Feira de Santana, UEFS, 2005, p.17-32.

RAO, G.R.; KORWAR, G.R.; SHANKER, A.K.; RAMAKRISHNA, Y.S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees**, v. 22, p. 697-709, 2008.

ROMÃO, R.L. **Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai em três regiões do nordeste brasileiro**. 1995. 75f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

ROSADO, T.B.; LAVIOLA, B.G.; GRATTAPAGLIA, D.; BHERING, L.L.; QUIRINO, B.; PAPPAS, M.de.C.R.; FARIA, D.A.de. Diversidade genética entre acessos de pinhão manso por meio de marcadores rapd e microssatélites. In: Congresso

Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 4., 2009, Guarapari, ES. **Anais...** Guarapari, 2009.

SATURNINO, H.M.; PACHECO, D.D.; KAKIDA, J.; TOMINAGA, N.; GONÇALVES, N.P. Cultura do Pinhão manso ( *Jatropha curcas* L.). Produção de oleaginosas para biodiesel. **Informe Agropecuário**, v.26, p.44-74, 2005.

SILVA, E.B.; TANURE, L.P.P.; SANTOS, S.R.; RESENDE JÚNIOR, P.S.de. Sintomas visuais de deficiências nutricionais em pinhão-manso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.4, p.392-397, 2009.

SUN, Q.; LI, L.; LI, Y.; WU, G.; GE, X. SSR and AFLP Markers Reveal Low Genetic Diversity in the Biofuel Plant *Jatropha curcas* in China. **Crop Science**, v.48, p. 1865-1871, 2008.

SUNIL, N.; SIVARAJ, N.; ANITHA, K.; ABRAHAM, B.; KUMAR, V.; SUDHIR, E.; VANAJA, M.; VARAPRASAD, K.S. Analysis of diversity and distribution of *Jatropha curcas* L. germplasm using Geographic Information System (DIVA-GIS). **Genetic Resource and Crop Evolution**, v.56, p.115-119, 2009.

SUJATA, M.; REDDY, T.P.; MAHASI, M.; Role of biotechnological interventions in the improvement of castor (*Ricinus communis* L.) and *Jatropha curcas* L. **Biotechnology Advance**, v.26, p.424-435, 2008.

TEIXEIRA, J.P.F. Teor e composição do óleo de sementes de *Jatropha* spp. **Bragantia**, v.46, p.151-157, 1987.

WEBSTER, G.L. Classification of the Euphorbiaceae. **Annals of Missouri Botanical Garden**, v.81, p.3-32, 1994.

## **CAPÍTULO 1**

### **COLETA E CONSERVAÇÃO DE PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) NO ESTADO DA BAHIA, BRASIL<sup>1</sup>**

---

<sup>1</sup>Artigo submetido ao comitê editorial do periódico científico Genetic Resource and Crop Evolution

## **COLETA E CONSERVAÇÃO DE PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) NO ESTADO DA BAHIA, BRASIL**

Autor: Bruno Portela Brasileiro

Orientadora: Simone Alves Silva

Co-orientador: Deoclides Ricardo de Souza

**RESUMO:** A espécie *Jatropha curcas*, pertencente à Euphorbiaceae e conhecida popularmente como Pinhão-mansó, tem sido uma alternativa a produção de biodiesel, devido a seu alto potencial produtivo e rusticidade aliada à qualidade do óleo extraído de suas sementes. Este trabalho teve como objetivo georreferenciar, coletar e conservar acessos de Pinhão-mansó, provenientes de diferentes regiões do Estado da Bahia. Foram encontradas 128 plantas em 23 localidades no Estado da Bahia, 44 indivíduos foram amostrados e georreferenciados. Também foram localizadas 2 plantações nos municípios de Jequié e Cafarnaum e estações experimentais em Alagoinhas, Cruz das Almas e Iará. Foram introduzidos 17 acessos através de intercâmbio com a Universidade Federal de Viçosa (UFV). Todos os 61 acessos foram propagados, com a representatividade de família variando de 1 a 22 plantas, das 3.039 sementes utilizadas na propagação dos acessos 2.135 germinaram (70,25%). O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) foi de 228,88 no momento da coleta e sofreu uma redução para 199,82 após a propagação e introdução no BAG da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Novas introduções de germoplasma são necessárias, por meio de coletas e intercâmbio de material, visando contribuir para o aumento da diversidade genética e conseqüentemente para os programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** Tamanho efetivo, Recursos Genéticos e Banco de Germoplasma.

## **PHYSIC NUT (*Jatropha curcas* L.) COLLECTION AND CONSERVATION IN THE STATE OF BAHIA, BRAZIL**

Author: Bruno Portela Brasileiro

Adivisor: Simone Alves Silva

Co-advvisor: Deoclides Ricardo de Souza

**ABSTRACT:** The species *Jatropha curcas* belongs to the Euphorbiaceae and known as physic nut, has been an alternative to biodiesel production due to its high productivity and rusticity ally with the oil quality extracted from its seeds. The aim of this study was to geo-reference, collect and conserve Physic nut accessions from different regions of the State of Bahia. Were found 128 plants in 23 sites in the State of Bahia, 44 individuals were sampled. Also were found two plantations in the city of Cafarnaum and Jequié and experimental stations in Alagoinhas, Cruz das Almas and Irará. 17 accessions were introduced through exchange with the Universidade Federal de Viçosa (UFV). All of 61 accessions were propagated with the representativeness of family, ranging from 1 to 22 plants, 3.039 seeds were used for propagation and 2.135 germinated (70,25%). The effective population size ( $N_e$ ) was 228.88 at the collection and was reduced to 199.82 after the spread and introduction to the Germplasm Bank at the Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Germplasm introductions are necessary, through collection and exchange of material, aiming to increase the genetic diversity and thus for the establishment of conservation and breeding of the specie.

**Keywords:** Effective size, Genetic Resources and Germplasm Bank.

## INTRODUÇÃO

Apesar da presença do pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) em diferentes regiões tropicais e subtropicais da América, África e Ásia, existem controvérsias quanto ao centro de diversidade da espécie. Para Heller, (1996) e Sujatha et al. (2008) há evidências de que o centro de diversidade seja a América Central, mais precisamente o México. Em estudos realizados na Índia com genótipos de 13 países, os acessos do México apresentaram maior diversidade alélica e plantas não tóxicas (Basha & Sujatha, 2007; Basha et al., 2009).

Segundo Arruda et al., (2004) a espécie é originária do Brasil, tendo sido introduzida por navegadores portugueses nas Ilhas do Arquipélago de Cabo Verde e Guiné, de onde foi disseminada pelo continente Africano e Asiático.

No Brasil o pinhão-manso ocorre do Nordeste até o Estado do Paraná e desde o nível do mar, até 1.000m de altitude, sendo o seu cultivo mais indicado em regiões que apresentam entre 500 e 800m de altitude. Nos terrenos de encosta, áridos e expostos ao vento, desenvolve-se pouco, não ultrapassando os 2m de altura (Arruda et al., 2004).

Um dos primeiros trabalhos a citar a ocorrência da *J. curcas* no país foi a *Flora brasilienses*, relatando coletas da espécie nos Estados de Minas Gerais, Pará e Bahia no ano de 1818 (Müller, 1873).

A elaboração de projetos que priorizem a coleta de germoplasma com potencial agrícola torna-se fundamental para o desenvolvimento de novas variedades, sendo que a conservação deve ser utilizada para preservação do "pool" gênico das espécies por longos períodos (Ritschel et al., 1999).

Na busca de genótipos cada vez mais eficientes, as dificuldades no processo de conservação necessitam ser enfrentadas e superadas, pois a variabilidade genética é fator indispensável para obtenção de ganhos genéticos (Cruz, 2005).

Cada espécie pode apresentar milhares de variantes, portanto é razoável admitir que qualquer coleção de germoplasma, por maior que seja, é apenas uma pequena amostra da variabilidade total da espécie (Allard, 1970).

A representatividade genética da amostra é um aspecto que desperta o interesse dos que trabalham com recursos genéticos vegetais, e a busca por um

tamanho de amostra ideal é o anseio de muitos pesquisadores (Vencovsky et al., 2007).

As dificuldades em estimar o tamanho ótimo da amostra na conservação de muitas espécies estão relacionadas com a complexidade da estrutura genética das populações e o método de análise utilizado (Crossa & Vencovsky, 1999; Vencovsky & Crossa, 1999; Resende, 2002; Vencovsky & Crossa, 2003; Wang et al., 2004).

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) mensura a representatividade genética de uma amostra de indivíduos, portanto é um importante parâmetro na genética quantitativa e de populações, pois estima a taxa de deriva genética e de endogamia (Wang, 1997; Santiago & Caballero, 1998; Resende, 2002).

As estratégias de amostragem podem resultar em gargalo genético, assim como nas etapas de armazenamento, propagação, regeneração, rearmazenamento e distribuição de amostras (Wang et al., 2004). Portanto, durante as coletas é fundamental que se procure reunir sementes de um maior número possível de plantas genitoras e de preferência em um número igual (Vencovsky, 1987).

Na conservação de espécies de reprodução cruzada é desejável a minimização da endogamia e da perda de variação no processo de gerenciamento genético das populações (Resende, 2002). Esse processo baseia-se na retenção da heterozigose e da diversidade alélica (Frankham et al., 2008).

Na preservação *ex situ* um  $N_e$  da ordem de 150 deve ser utilizado para a retenção de alelos com frequência  $\geq 1\%$  (Vencovsky, 1987). Entretanto, para o início de um programa de melhoramento um tamanho efetivo populacional da ordem de 300 a 400 tem sido recomendado, sendo que em cada ciclo de seleção, sugere-se a restrição do tamanho efetivo no máximo a 50, para não comprometer a intensidade de seleção (Resende, 2002).

Com a finalidade de dar continuidade aos programas de conservação e melhoramento genético da espécie, este trabalho teve como objetivo georreferenciar, coletar e introduzir acessos de pinhão-manso no Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizadas expedições de coleta durante os meses de janeiro, fevereiro e março de 2010 em municípios da Chapada Diamantina, percorrendo toda a região ao redor do Parque Nacional e grande parte dos municípios da Chapada Norte, estas regiões foram visitadas devido ao histórico de cultivo e utilização da espécie pela população local. Também foram realizadas expedições na região Sudoeste do Estado, Vale do Jequiçá e em alguns municípios do Recôncavo da Bahia.

As coletas ocorreram sem controle gamético, procurando obter o maior número possível de sementes por planta, também foi realizado o georreferenciamento das plantas amostradas com aparelho de GPS (Garmin®) (Tabela 1) e as informações utilizadas na dispersão dos pontos no mapa da Bahia com a utilização do programa Google Earth.

**TABELA 1** - Procedência, número do acesso e informações geográficas dos locais de coleta, estações experimentais e plantações de Pinhão-manso no Estado da Bahia - Brasil.

Procedência	Acesso	Altitude	Latitude/Longitude
<b>Alagoinhas - EBDA*</b>	UFRB01-17		
<b>Irará - EBDA*</b>	UFRB18-20		
<b>Cruz das Almas*</b>	-	211	12°39.657'S/39°05.062'W
<b>Jequié</b>	UFRB21	209	13°52.663'S/40°04.601'W
	UFRB22	233	13°52.388'S/40°03.810'W
	UFRB23	252	13°51.878'S/40°03.678'W
	UFRB24	236	13°51.794'S/40°03.857'W
Faz. Velha**	UFRB25-26	211	13°52.210'S/40°09.415'W
<b>Jitaúna - Santa</b>			
Terezinha	UFRB27	179	13°59.708'S/39°46.343'W
<b>Ipiaú - Itaibó</b>	UFRB28	206	13°56.437'S/39°44.224'W
	UFRB29	202	13°56.502'S/39°44.255'W
	UFRB30	218	13°56.460'S/39°44.192'W
<b>Apuarema</b>	UFRB31	295	13°51.594'S/39°44.700'W
	UFRB32	307	13°51.744'S/39°44.829'W
	UFRB33	271	13°50.999'S/39°42.129'W
<b>Itamarí</b>	UFRB34	274	13°46.641'S/39°40.606'W
	-	275	13°46.629'S/39°40.569'W
<b>Itaitê - Santa Clara</b>	UFRB35	317	12°56.188'S/41°03.765'W
	UFRB36	317	12°56.192'S/41°03.761'W



Tabela 1- Continuação...

	UFRB37	317	12°56.194'S/41°03.759'W
	UFRB38	317	12°56.181'S/41°03.777'W
	UFRB40	318	12°56.183'S/41°03.790'W
<b>Andaraí - Iगतu</b>	UFRB41	742	12°53.826'S/41°19.072'W
	UFRB42	766	12°53.834'S/41°19.222'W
	UFRB43	749	12°53.600'S/41°19.250'W
<b>Mucugê - Guiné</b>	UFRB44	983	12°46.364'S/41°32.216'W
	UFRB45	966	12°45.270'S/41°32.568'W
	-	965	12°45.249'S/41°32.653'W
	UFRB46	951	12°45.087'S/41°32.722'W
<b>Palmeiras</b>	UFRB47	673	12°30.946'S/41°34.627'W
Capão	UFRB48	947	12°34.716'S/41°30.777'W
	-	872	12°36.577'S/41°29.980'W
Conceição dos Gatos	UFRB49	778	12°32.389'S/41°31.412'W
Faz. Pau-Ferro	UFRB50	692	12°31.747'S/41°34.100'W
	UFRB51	692	12°31.748'S/41°34.101'W
	UFRB52	691	12°31.749'S/41°34.096'W
	UFRB53	691	12°31.749'S/41°34.096'W
<b>Iraquara</b>	UFRB39	907	12°34.729'S/41°34.923'W
	UFRB54	713	12°20.570'S/41°35.644'W
<b>Souto Soares</b>	UFRB55	712	12°20.566'S/41°35.630'W
Segredo			
<b>Cafarnaum**</b>	UFRB56	841	12°01.086'S/41°40.138'W
<b>Morro do Chapéu</b>	-	834	11°34.926'S/41°24.480'W
Faz. Lagoa Nova	UFRB57	962	11°33.307'S/41°09.499'W
<b>Wagner</b>	UFRB58	789	11°46.246'S/41°09.284'W
Gambá	-	481	12°16.479'S/41°10.014'W
	UFRB59	526	12°17.121'S/41°08.346'W
	UFRB60	527	12°17.119'S/41°08.340'W
<b>C. do Sincorá</b>	UFRB61	-	-
<b>Santa Inês</b>	UFRB62	384	13°17.158'S/39°49.397'W
<b>Maragojipe</b>			
São Roque	UFRB63	021	12°51.370'S/38°50.946'W
<b>Salvador</b>			
Rio Vermelho	UFRB64	036	13°00.370'S/38°29.380'W

\*Estação Experimental, \*\*Plantação Comercial, - Plantas não amostradas, EBDA = Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola

Foi realizado o intercâmbio de material vegetal com a Universidade Federal de Viçosa (UFV), por meio da remessa de 35 acessos e o recebimento de 17 acessos, com aproximadamente 50 sementes por amostra.

O tamanho efetivo ( $N_e$ ) no processo de coleta e após a introdução no BAG foi calculado conforme sugerido por Vencovsky & Crossa (1999) para amostragem ao acaso (sem controle gamético):

$$N_e = \frac{n}{\frac{n-1}{4F} + 1}$$

Em que a taxa de autofecundação é considerada zero ( $s = 0$ ) para espécies alógamas,  $n$  = número de sementes da amostra e  $F$  = número de matrizes.

O tamanho efetivo da amostra composta ( $N_{et}$ ) foi calculado conforme Resende & Vencovsky (1990):

$$N_{et} = \sum_i N_{ei}$$

Onde  $N_{ei}$  = tamanho efetivo de cada amostra.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As expedições de coleta percorreram diferentes regiões do Estado da Bahia, passando por mais de 50% das cidades localizadas na Chapada Diamante (Figura 1).

Foram encontradas 128 plantas em 23 localidades de 17 municípios do Estado da Bahia. No total 44 plantas foram amostradas e 43 georreferenciadas. Também foram localizadas 2 plantações comerciais nos municípios de Jequié e Cafarnaum e nas estações experimentais da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola de Alagoinhas, Cruz das Almas e Irará (Tabela 2). As plantas foram sempre encontradas próximas das residências, indicando uma forte dependência da presença do homem para a propagação e dispersão da espécie.

Foram coletadas sementes de poucas plantas por localidade devido ao reduzido número de indivíduos nos pontos de coleta e também pela ausência de frutos em algumas plantas (Tabela 2). Populações pequenas podem contribuir para o aumento da endogamia na espécie, pois a probabilidade de um indivíduo ser fecundado a partir de um gameta oriundo dele mesmo é  $1/(2N)$ . Assim quanto menor for o tamanho de  $N$  da população reprodutiva, maior será a endogamia na geração subsequente (Resende, 2002).

A endogamia por si só não altera as frequências alélicas da população, entretanto em populações não ideais diferentes processos evolutivos afetam a frequência alélica de diferentes locos. Em Populações grandes um grande número de alelos deletérios são mantidos em frequências reduzidas devido à leve e constante ação da seleção natural sobre os homozigotos (Cruz et al., 2007). Entretanto, em populações de tamanho pequeno, pode ocorrer a fixação aleatória de alelos deletérios (Lynch et al., 1995) levando conseqüentemente a extinção da população.

Com endogamia, a média genotípica populacional é reduzida desde que haja variabilidade genética e algum nível de dominância alélica. O fenômeno associado à redução da média é denominado depressão endogâmica (Resende, 2002).

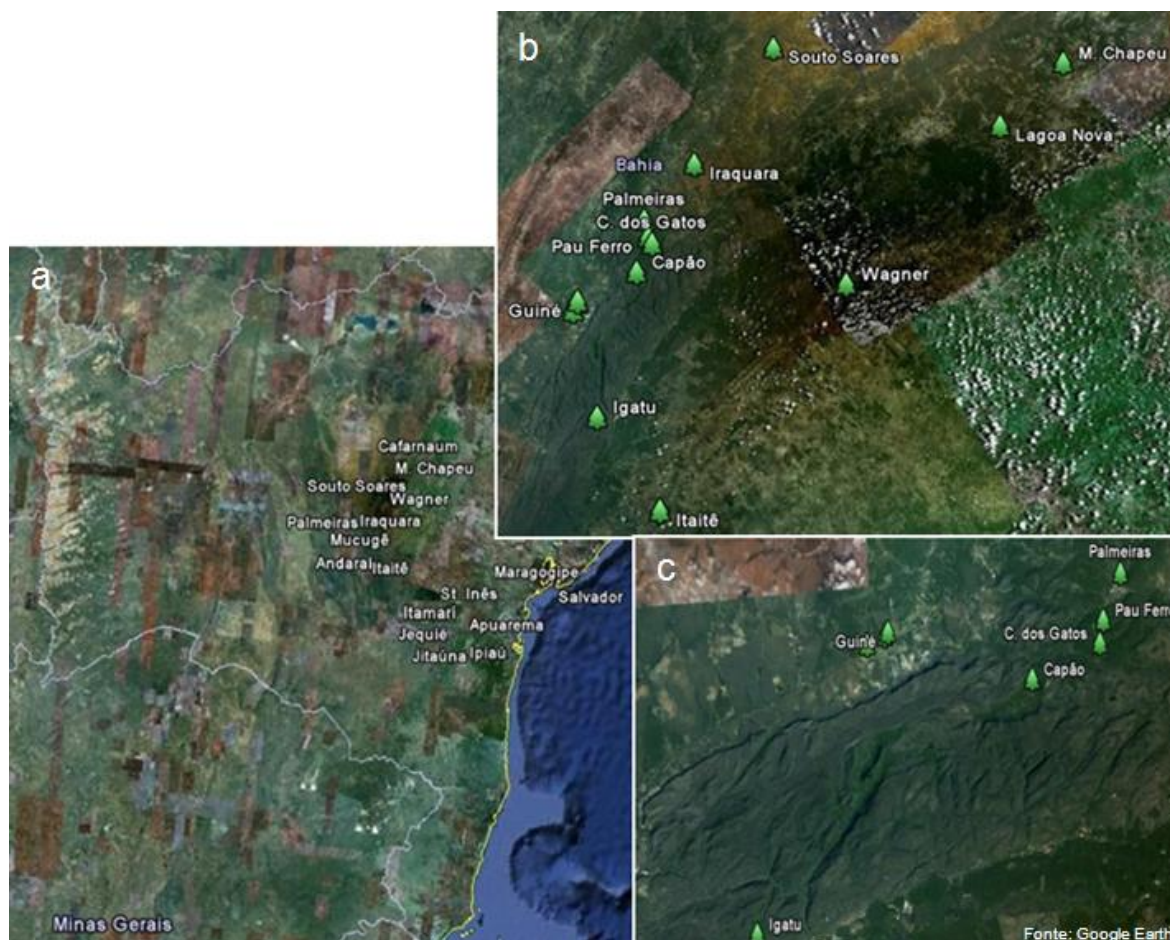
O principal método de propagação da *J. curcas* nos locais visitados tem sido a partir de estacas, sendo comum a sua utilização na implantação de cercas vivas. Embora o sistema reprodutivo da *J. curcas* tenha fortes características de planta alógama (Bhattacharya et al., 2005), é possível ocorrer cruzamentos entre indivíduos aparentados e entre clones, tendo em vista o possível efeito fundador como consequência das práticas de propagação utilizadas, fatores que contribuem para o aumento da endogamia e da deriva genética.

Segundo Chang-Wei et al. (2007) e Paiva Neto et al. (2010) o Pinhão-manso é uma planta alógama, autocompatível e que necessita de polinizadores. A produção de sementes por autofecundação e apomixia em *J. curcas* foi relatado por Chang-Wei et al. (2007), portanto estas podem ser estratégias de reprodução em plantas isoladas e na ausência de polinizadores, podendo contribuir para a expressão de alelos deletérios e retenção da carga genética na espécie.

Baixa diversidade genética em *J. curcas* foi verificado por Sun et al., (2008) com marcadores SSR e AFLP em acessos da China e México, por Basha e Sujatha (2007) com marcadores RAPD e ISSR e Pamidimarri et al., (2009) com marcadores RAPD, AFLP e SSR em acessos da Índia e México. No Brasil, Rosado et al. (2009) utilizando marcadores RAPD e SSR em acessos da Embrapa Agroenergia também encontraram baixa diversidade alélica.

Estes autores argumentam que a estreita base genética entre os acessos de *J. curcas* chineses e indianos é devido ao número reduzido de introduções iniciais que se espalharam essencialmente por propagação clonal, enquanto que

Rosado et al. (2009) recomendaram a introdução de novos acessos e uma melhor caracterização do germoplasma.



**Figura 1** - Municípios do Estado da Bahia com ocorrência de *Jatropha curcas* (a) locais de coleta na Chapada Diamantina (b) e pontos de coleta ao redor do Parque Nacional da Chapada Diamantina (c).

As estimativas do tamanho efetivo populacional após a coleta e implantação do BAG com os 61 acessos (44) coletados e (17) introduzidos via intercâmbio são apresentados na Tabela 2.

**TABELA 2** - Número de plantas no local (np), número de plantas coletadas (pc), número total de sementes por procedência (ns) e Tamanho efetivo no momento da coleta (Ne\*) e após a introdução no BAG (Ne\*\*).

<b>Procedência</b>	<b>Acesso</b>	<b>np</b>	<b>pc</b>	<b>ns</b>	<b>Ne*</b>	<b>Ne**</b>
<b>Santa Inês</b>	UFRB62	1	1	66	3,83	3,52
<b>Jequié</b>	UFRB21-24	4	4	435	15,47	13,36
<b>Faz, Velha</b>	UFRB25-26	12	2	107	7,51	5,93
<b>Jitaúna</b>	UFRB27	1	1	85	3,86	3,52
<b>Ipiaú</b>	UFRB28-30	3	3	165	11,25	10,29
<b>Apuarema</b>	UFRB31-33	6	3	203	11,38	10,29
<b>Itamarí</b>	UFRB34	2	1	24	3,56	3,08
<b>Itaitê</b>	UFRB35	30	5	721	19,49	17,05
<b>Andaraí</b>	UFRB41-43	5	3	488	11,74	10,29
<b>Mucugê</b>	UFRB44-46	4	3	246	11,49	9,97
<b>Palmeiras</b>	UFRB47	3	1	29	3,63	3,52
<b>Capão</b>	UFRB48	7	1	11	3,14	3,08
<b>C, dos Gatos</b>	UFRB49	10	1	68	3,83	3,08
<b>Faz, Pau-Ferro</b>	UFRB39/50-53	20	5	436	19,16	16,31
<b>Iraquara</b>	UFRB54	3	2	497	7,89	6,90
<b>Souto Soares</b>	UFRB56	3	1	79	3,85	3,52
<b>Morro do Chapéu</b>	UFRB57	1	1	6	2,67	2,50
<b>Lagoa Nova</b>	UFRB58	1	1	67	3,83	3,52
<b>Wagner</b>	-	1	0	0	0,00	0,00
<b>Gambá</b>	UFRB59	8	2	133	7,60	6,90
<b>C, do Sincorá</b>	UFRB61	1	1	64	3,82	3,52
<b>Maragojipe</b>	UFRB63	1	1	14	3,29	1,00
<b>Salvador</b>	UFRB64	1	1	6	2,67	2,67
<b>Santa Vitória - MG</b>	UFVJC3	-	1	50	3,77	3,52
<b>João Pinheiro - MG</b>	UFVJC5/10	-	2	100	7,48	6,90
<b>Montalvânia - MG</b>	UFVJC18/19	-	2	100	7,48	6,90
<b>Caratinga - MG</b>	UFVJC23	-	1	50	3,77	3,52
<b>Formoso - TO</b>	UFVJC40	-	1	50	3,77	3,52
<b>Jales - SP</b>	UFVJC41	-	1	50	3,77	3,52
<b>B. dos Bugres - MT</b>	UFVJC45-46	-	2	100	7,48	6,90
<b>Barbacena - MG</b>	UFVJC52	-	1	50	3,77	3,52
<b>Desconhecido</b>	UFVJC65	-	1	50	3,77	3,52
<b>São Luís - MA</b>	UFVJC68	-	1	50	3,77	3,08
<b>St, Barbará - MG</b>	UFVJC69	-	1	50	3,77	1,00
<b>Ariquemes - RO</b>	UFVJC70	-	1	50	3,77	3,08
<b>Cambodia</b>	UFVJC74	-	1	50	3,77	3,52
<b>Petrolina - PE</b>	UFVJC84	-	1	50	3,77	3,52
<b>Total</b>		128	61	4.800	228,88	199,82

Todos os 61 acessos foram propagados e introduzidos, com a representatividade de família variando de 1 a 22 plantas. Foram utilizadas 3.039 sementes na propagação dos acessos e 2.135 germinaram (70,25%).

Os acessos UFRB63 e UFVJC69 foram representados no BAG por apenas 1 planta, o acesso UFRB57 foi representado com 5 plantas, o UFRB52 foi representado por 8 indivíduos, o UFRB64 foi representado com 6 plantas, outros 10 acessos foram introduzidos com 10 indivíduos e 46 acessos foram introduzidos com a implantação do teste de progênie em 22 blocos e uma planta por parcela.

Na conservação genética, são recomendados entre 10 e 20 indivíduos por família, sendo que maiores quantidades de plantas têm levado a acréscimos lentos em representatividade (Resende, 2002) e experimentos com parcelas de uma única planta e 20 a 25 repetições tem conduzido ao aumento da precisão experimental e da acurácia seletiva em caracteres vegetativos de pinhão-manso (Abreu, 2009; Juhász et al., 2010).

O tamanho efetivo da amostra composta foi de 228,88 no momento da coleta e sofreu uma redução para 199,82 após a propagação e introdução (Tabela 2), essa diminuição do tamanho efetivo ocorreu principalmente devido ao menor número de indivíduos obtidos em 15 acessos e conseqüentemente, desigual quantidade de indivíduos por acesso dentro de populações.

Em termos de representatividade de famílias, verificou-se que a amostragem foi pequena para todas as populações, tendo em vista o reduzido tamanho efetivo populacional. Entretanto, é importante a realização de coletas mesmo quando as populações são formadas por poucos indivíduos e não seja possível considerar o controle gamético na composição da amostra (Vecovsky et al., 2007).

O tamanho efetivo composto foi de 199,82 para as novas introduções que somado ao  $N_{et} = 73$  referente aos 20 acessos introduzidos por Carvalho (2010) representa um tamanho efetivo composto de 272,82, suficiente para conservação.

Em programas de melhoramento, o tamanho efetivo está diretamente relacionado à obtenção do limite seletivo, portanto, para se obter progresso genético a longo prazo deve ser mantido a variabilidade genética potencial em cada ciclo de seleção, a qual é liberada nos ciclos subseqüentes através da recombinação genética (Resende & Rosa Perez, 1999).

É evidente a necessidade de novas coletas e intercâmbio de germoplasma para aumentar a variabilidade genética da espécie e as possibilidades de obtenção de genótipos superiores. Desta forma, altas intensidades de seleção poderão ser utilizadas nas primeiras gerações e um tamanho efetivo adequado poderá ser mantido para o melhoramento a longo prazo.

Os métodos de propagação e a baixa densidade populacional do Pinhão-mansinho nos pontos de coleta, juntamente com a pequena diversidade alélica verificada em estudos realizados por Sun et al., (2008), Basha e Sujatha (2007), Pamidimarri et al., (2009) e Rosado et al. (2009), indicam que as populações de *Jatropha curcas* podem apresentar um alto nível de homozigose (Achten et al., 2010).

## CONCLUSÃO

O tamanho efetivo da população demonstra a necessidade de novas introduções no Banco Ativo de Germoplasma da UFRB, por meio de coletas e intercâmbio de material, contribuindo para o aumento da diversidade genética e conseqüentemente para os programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F.B.; RESENDE, M.D.V.de.; ANSELMO, J.L.; SATURNINO, H.M.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B. de. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansinho na fase juvenil. **Magistra**, v.21, p.36-40, 2009.

ACHTEN, W.M.J.; NIELSEN, L.R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A.G.; KJAER, E.D.; TRABUCO, A.; HANSEN, J.K.; MAES, W.H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v.1, p.91-107, 2010.

ALLARD, R.W. Population structure and sampling methods. In: FRANKEL, O. H.; BENNETT, E. (Org.). **Genetic resources in plants – their exploration and conservation**. Oxford: Blackwell, 1970, p. 97-107.

ARRUDA, F.P.de.; BELTRÃO, N.E.de.M.; ANDRADE, A.P.de.; PEREIRA, W.E.; SEVERINO, L.S. Cultivo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) como alternativa para o semiárido nordestino. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v.8, p.789-799, 2004.

BASHA, S.D.; SUJATHA, M. Inter and intra-population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. **Euphytica**, v.156, p.375-386, 2007.

BASHA, S.D.; FRANCIS, G.; MAKKAR, H.P.S.; BECKER, K.; SUJATHA, M. A comparative study of biochemical traits and molecular markers for assessment of genetic relationships between *Jatropha curcas* L. germplasm from different countries. **Plant Science**, v.176, p.812-823, 2009.

BHATTACHARYA, A.; DATTA, K.; DATTA, S.K. Floral biology, floral resource constraints and pollination limitation in *Jatropha curcas* L. **Pakistan Journal Biology Science**, v.8, p.456-460, 2005.

CARVALHO, D.S. **Comportamento genético de progênes de meios irmãos de pinhão manso no recôncavo baiano, Brasil**. 2010. 41f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2010.

CHANG-WEI, L.; KUN, L.; YOU, C.; YONG-YU, S. Floral display and breeding system of *Jatropha curcas* L. **Forestry Studies in China**, v.9, p.114-119, 2007.

CROSSA, J.; VENCOSKY, R. Sample size and variance effective population size for genetic resources conservation. **Plant Genetic Resource**. v. 119, p.15-25, 1999.

CRUZ, C.D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 2005, 394p.



CRUZ, C.D.; MOURA, M.C.C.L.; FERREIRA, A.; MASCARENHAS, K.M.; ARAÚJO, J.R.G.; MARTINS, M.R. Utilização da Biometria no melhoramento genético do bacurizeiro. In: LIMA, M.C. (Org.). **Bacuri: (*Platonia insignis* Mart.-Clusiaceae). Agrobiodiversidade**. São Luiz: Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura, 2007, 210p.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D.A. **Fundamentos de Genética da Conservação**. Ribeirão Preto, SP, Editora SBG, 2008, 280p.

HELLER, J. **Physic nut (*Jatropha curcas*): promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops**. Rome: Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 1996. 66p.

JUHÁSZ, A.C.P.; MORAIS, D.L.B.; SOARES, B.O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H.O.; RESENDE, M.D.V.de. Parâmetros genéticos e ganho de seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.30, p.25-35, 2010.

LYNCH, M.; CONERY, J.; BURGER, R.; Mutation accumulation and the extinction of small populations. **The American Naturalist**, v.146, p.489-518, 1995.

MÜLLER, J. Euphorbiaceae. In: MARTIUS, C.F.P & EICHLER, A.G. (Org.). **Flora Brasiliensis**, 1873, v.11, p.1-752.

PAIVA NETO, V.B.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B.; ZUFFO, M.C.R.; ALVAREZ, R.C.F.A. Aspectos da biologia reprodutiva de *Jatropha curcas* L. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, p. 558-563, 2010.

PAMIDIMARRI, D.V.N.S.; SINGH, S.; MASTAN, S.G.; PATEL, J.; REDDY, M.P. Molecular characterization and identification of markers for toxic and non-toxic varieties of *Jatropha curcas* L. using RAPD, AFLP and SSR markers. **Molecular Biology Report**, v.36, p.1357-1364, 2009.

RESENDE, M.D.V.de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002, 975p.

RESENDE, M.D.V.de; ROSA-PEREZ, J.R.H.; **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Imprensa Universitária - UFPR, 1999, 496p.

RESENDE, M.D.V.de; VENCOVSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6., 1990, Campos do Jordão. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. p. 434-439.

RITSCHER, P.S.; LOPES, C.A.; HUAMÁN, Z.; FERREIRA, M.E.; FRANÇA, F.H.; MENÊZES, J.E.; TEIXEIRA, D.M.C.; TORRES, A.C.; CHARCHAR, J.M.; THOMAZELLI, L. Organização do Banco Ativo de Germoplasma de batata-doce: situação atual e perspectivas. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas Para o Nordeste Brasileiro**. Brasília, 1999. v. 1. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/medicinaisconservacao.pdf>>. Acesso em: 15 fev. 2010.

ROSADO, T.B.; LAVIOLA, B.G.; GRATTAPAGLIA, D.; BHERING, L.L.; QUIRINO, B.; PAPPAS, M.de.C.R.; FARIA, D.A.de. Diversidade genética entre acessos de pinhão manso por meio de marcadores rapd e microssatélites. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 4., 2009, Guarapari, ES. **Anais...** Guarapari, 2009.

SANTIAGO, E.; CABALLERO, A. Effective size and polymorphism of linked neutral loci in populations under directional selection. **Genetics**, v.149, p.2105-2117, 1998.

SUJATA, M.; REDDY, T.P.; MAHASI, M.; Role of biotechnological interventions in the improvement of castor (*Ricinus communis* L.) and *Jatropha curcas* L. **Biotechnology Advance**, v.26, p.424-435, 2008.

SUN, Q.; LI, L.; LI, Y.; WU, G.; GE, X. SSR and AFLP Markers Reveal Low Genetic Diversity in the Biofuel Plant *Jatropha curcas* in China. **Crop Science**, v.48, p. 1865-1871, 2008.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **Instituto de Pesquisa e Investigações Florestais**, n. 35, p. 79 - 84, 1987.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Variance effective population size under mixed self and random mating with applications to genetic conservation of species. **Crop Science**, v.39, p.1282-1294, 1999.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of representativeness used in genetic resources conservation and plant breeding. **Crop Science**, v. 43, p. 1912-1921, 2003.

VENCOVSKY, R.; NASS, L.L.; CORDEIRO, C.M.T.; FERREIRA, M.A.J.F. Amostragem em recursos genéticos vegetais. In: NASS, L.L (Org.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2007, p. 231-280.

WANG, J. Effective size and F-statistics of subdivided populations. I. Monoecious species with partial selfing. **Genetics**, v.146, p.1453-1463, 1997.

WANG, J.; CROSSA, J.; GINKEL, M.V.; TABA, S. Statistical Genetics and Simulation Models in Genetic Resource Conservation and Regeneration. **Crop Science**, v. 44, p.2246-2253, 2004.

## **CAPÍTULO 2**

# **PROPAGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GERMINAÇÃO E VELOCIDADE DE EMERGÊNCIA EM SEMENTES DE PINHÃO-MANSO<sup>2</sup>**

---

<sup>2</sup> Artigo submetido ao comitê editorial da Revista Brasileira de Sementes

## **PROPAGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GERMINAÇÃO E VELOCIDADE DE EMERGÊNCIA EM SEMENTES DE PINHÃO-MANSO**

Autor: Bruno Portela Brasileiro

Orientadora: Simone Alves Silva

Co-orientador: Deoclides Ricardo de Souza

**RESUMO:** Este trabalho teve por objetivo definir as melhores condições para germinação de sementes e produção de mudas, além de estimar parâmetros genéticos para os caracteres germinação e índice de velocidade de emergência em sementes de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). Foram avaliados 27 acessos e testados cinco substratos nas condições de sombreamento à 50% e sem sombreamento. A mistura de latossolo na ausência de sombreamento proporcionou elevada germinação e plantas vigorosas, portanto estas condições foram utilizadas para a propagação e avaliação de 27 acessos. Dentre os acessos avaliados, 11 apresentaram germinação  $\geq 85\%$ . Apenas o acesso UFRB26 apresentou germinação abaixo de 30%. Para a herdabilidade no sentido amplo os valores obtidos foram de 95% para germinação de sementes e de 79% para o índice de velocidade de emergência, indicando alta possibilidade de ganhos genéticos. A acurácia seletiva apresentou valores elevados para as duas variáveis, evidenciando a eficiência experimental na predição dos melhores genótipos. O pinhão-manso apresenta ampla variabilidade para germinação de sementes e com a seleção das 11 melhores matrizes os ganhos de seleção estimados foram de 29,94% e de 7,14% para germinação e IVE, respectivamente, podendo auxiliar no processo de domesticação e melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** *Jatropha curcas*, Germoplasma e Conservação Genética.

## PROPAGATION AND ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR SEED GERMINATION AND SPEED OF EMERGENCE IN PHYSIC NUT

Author: Bruno Portela Brasileiro

Adivisor: Simone Alves Silva

Co-advisor: Deoclides Ricardo de Souza

**ABSTRACT:** The aim of this study was to define the best conditions for seed germination and seedling production of physic nut (*Jatropha curcas* L.) besides evaluating the genetic variability for seed germination among 27 accesses of *J. curcas*. Five substrates were tested under shaded conditions to 50% and without shaded. The Mixture of Latosol in the absence of shaded gave high germination and vigorous plants, these conditions are recommended for propagation and multiplication of species, and were used in the evaluation of 27 genotypes. Among the accessions tested, 4 presented 100% of germination and other 7 accessions presented  $\geq 85\%$  of germination. Only the access UFRB26 showed less than 30% of germination. For the broad sense heritability values obtained were 95% for seed germination and 79% for the IVE, indicating a high possibility of genetic gains. The selective accuracy showed high values for both variables, showing the experimental efficiency in predicting the best genotypes. The physic nut shows high variability for seed germination and the selection of the best 11 accesses were estimated selection gains of 29.94% and 7.14% for germination and IVE, respectively, being able to select genotypes of easy propagation for assist in the process of domestication and breeding of the specie.

**Keywords:** *Jatropha curcas*, Germplasm and Conservation Genetics.

## INTRODUÇÃO

A espécie *Jatropha curcas* L., pertencente à família Euphorbiaceae e conhecida popularmente como pinhão-mansão, tem sido uma alternativa a agricultura familiar e aos programas de biodiesel, sendo considerada uma boa opção de cultivo agrícola em áreas de solos pobres, pedregosos e quase não agricultáveis (Nunes, 2007).

A espécie possui facilidade no enraizamento e a técnica de estaquia tem sido uma das maneiras mais práticas e comuns de propagação. Entretanto, as plantas provenientes de estacas são de vida mais curta e sistema radicular pouco desenvolvido, outra desvantagem encontrada neste método de propagação é o grande volume de material necessário para produção em escala comercial (Saturnino et al., 2005).

A busca por técnicas eficientes para propagação do pinhão-mansão constitui uma etapa importante para a introdução de plantios comerciais e o conhecimento dos parâmetros genéticos de características relativas à propagação, como germinação e índice de velocidade de emergência, são essenciais para os programas de multiplicação, propagação e conservação da espécie.

Trabalhos avaliando a germinação de sementes em pinhão-mansão foram realizados por Fogaça et al. (2007), Santos et al. (2007) e Martins et al. (2008), havendo discordância com relação ao melhor substrato para a realização de testes de germinação e propagação da espécie.

A definição do substrato ideal para a germinação de semente é fundamental e alguns aspectos devem ser considerados (Brasil, 2009), pois constitui o suporte físico e tem a função de manter as condições adequadas para a emergência e desenvolvimento das plântulas (Figliolia et al., 1993), influenciando diretamente a germinação, em função de sua estrutura, aeração e capacidade de retenção de água.

No processo de propagação pode ocorrer perda irreversível de alelos como consequência da dormência e germinação diferencial de sementes durante as etapas de multiplicação e regeneração dos acessos (Tao, 1992), provocando a redução do tamanho efetivo populacional (Vencovsky, 1987). Segundo Hallauer & Miranda (1981) só é possível recuperar o tamanho efetivo quando as perdas na

viabilidade das sementes forem menores de 50% do material numa única geração.

Diversos estudos têm demonstrado a existência de variabilidade e de um forte componente genético na determinação do potencial germinativo de sementes. Rego et al. (2005) estudando 26 progênies de *Albizia lebbbeck* estimaram a herdabilidade no sentido amplo em 0,79. Vieira et al. (2005) estudando progênies de meio-irmãos de cenoura (*Daucus carotaes*) estimaram a herdabilidade em 0,93, Oliveira et al. (2003) avaliando 20 progênies de açaizeiro (*Euterpe oleracea*) estimaram a herdabilidade em 0,58 e Costa et al. (2009) estimaram herdabilidade de 0,89 para germinação de sementes de teca (*Tectona grandis*).

Este trabalho teve por objetivo definir as melhores condições para a germinação de sementes e produção de mudas, além de estimar parâmetros genéticos para os caracteres germinação e índice de velocidade de emergência em pinhão-manso.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Experimento 1: Avaliação do substrato e sombreamento em amostradas de sementes coletadas aleatoriamente.**

As sementes de *Jatropha curcas*, foram coletadas de forma aleatória em uma plantação experimental localizada na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Campus de Cruz das Almas-BA, durante o mês de junho de 2009.

O plantio ocorreu em sacos de polietileno com dimensões de 18x24 cm contendo os substratos: 1 - Mistura de Latossolo Vermelho Amarelo (0,25m<sup>3</sup>) com Esterco (0,12m<sup>3</sup>), Super Simples (1,9kg) e Cloreto de Potássio (0,3Kg); 2 - Latossolo Vermelho Amarelo; 3 - Substrato Comercial (Plantmax<sup>®</sup>); 4 - Areia Lavada; 5 - Terra Vegetal, nas condições de sombreamento à 50% e sem sombreamento.

As investigações foram conduzidas na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Campus de Cruz das Almas-BA, durante os meses de julho, agosto e setembro de 2009.



O critério adotado para a avaliação do teste da germinação foi baseado nas recomendações das Regras para Análise de Sementes (Brasil, 2009), considerando germinadas, as sementes que originaram plântulas normais.

Para a germinação de sementes o delineamento foi o inteiramente casualizado (DIC) no esquema de parcela subdividida, com 4 repetições, 30 sementes por subparcela e 5 sementes por recipiente.

Para a análise estatística os dados de germinação foram transformados em arco seno  $\sqrt{x(\%) / 100}$ , conforme indicado para dados com distribuição binomial e quando a germinação não estiver na faixa de 30% a 70% (Steel & Torrie, 1980; Montgomery, 1991; Zimmermann, 2004; Banzatto & Kronka 2006).

Também foi calculado o índice de velocidade de emergência (IVE) pelo método de Maguire (1962):

$$IVE = \frac{N_1}{D_1} + \frac{N_2}{D_2} \dots \frac{N_n}{N_n}$$

$N_i$  = número de plântulas emergidas e computadas da primeira a última contagem;  $D_i$  = número de dias da semente da primeira a última contagem.

Após a avaliação do processo germinativo ocorreu o desbaste das mudas, sendo mantida uma planta por recipiente para a avaliação do desenvolvimento inicial nos diferentes substratos e condição de sombreamento. Foram avaliados o comprimento e largura dos cotilédones no 15º dia após a germinação e a altura da planta, diâmetro do caule, número de folhas e massa seca da parte aérea no 30º dia após a germinação.

Para avaliação das mudas o delineamento foi o inteiramente casualizado no esquema de parcela subdividida, com 4 repetições e 12 indivíduos por subparcela, totalizando 240 plantas. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software SAS versão 9.1.3 (SAS, 2007).

## **Experimento 2: Avaliação da percentagem de germinação e IVE em 27 acessos coletados no Estado da Bahia**

As sementes de 27 acessos acondicionadas em sacos de papel e armazenadas por 3 meses em temperatura ambiente no Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

(UFRB) foram utilizadas na estimativa de parâmetros genéticos para percentagem de germinação e IVE, utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 3 repetições e 20 sementes por parcela, totalizando 60 sementes por tratamento.

As sementes obtidas de 27 plantas coletadas no Estado da Bahia foram semeadas em sacos de polietileno (18x24cm) contendo como substrato: Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico (4m<sup>3</sup>), Esterco (2m<sup>3</sup>), Super Simples (28kg) e Cloreto de Potássio (4,8Kg).

Os dados de germinação foram transformados via arco seno  $\sqrt{x(\%) / 100}$  e posteriormente foi realizada a análise de variância e o teste de Scott-knott com a utilização do programa Genes (Cruz, 2001).

Os componentes de variância foram estimados conforme Vencovsky & Barriga, (1992):

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{r} : \text{variância genotípica};$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{Q_1}{r} : \text{variância fenotípica}$$

A partir dos componentes de variância foram estimados os seguintes parâmetros:

$$h^2_{(amplo)} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} : \text{herdabilidade no sentido amplo};$$

$$\hat{r}_{aa} = \sqrt{h^2_{(amplo)}} : \text{acurácia seletiva};$$

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m} 100 : \text{coeficiente de variação genotípica};$$

$$CV_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m} 100 : \text{coeficiente de variação ambiental dentro da parcela.}$$

Onde  $Q_1$  = quadrado médio do tratamento,  $Q_2$  = quadrado médio do resíduo experimental,  $r$  = número de repetições e  $m$  = média geral.

O tamanho efetivo da população selecionada ( $N_e$ ) foi calculado conforme Resende (2002):

$$N_e = \frac{4N_f n_f}{n_f + 3}$$

Onde  $N_f$  = número de famílias selecionadas e  $n_f$  = número de indivíduos selecionados por família.

O ganho genético corrigido ( $GS_c$ ) foi calculado conforme sugerido por Resende & Bertolucci (1995):

$$GS_c = [1 - 1/2N_e]GS$$

Em que  $GS$  = ganho genético não corrigido

O coeficiente de endogamia da população recombinada (geração seguinte) foi calculado conforme Resende (2002):

$$F = \frac{\sum_{i=1}^p n_{i(n_i-1)}}{(\sum_{i=1}^p n_i)^2} F_m + \frac{\sum_{i=1}^p n_i}{(\sum_{i=1}^p n_i)^2} F_I = \frac{1}{2N_e}$$

Em que  $n_i$  = número de indivíduos selecionados dentro de cada família,  $F_m = 1/8$  : coeficiente de endogamia de descendentes de cruzamentos de meios-irmãos,  $F_I = 1/2$  : coeficiente de endogamia de indivíduos obtidos por autofecundação.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Experimento 1: Avaliação do substrato e sombreamento em amostras de sementes coletadas aleatoriamente

Houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre os substratos e as condições com e sem sombreamento para todas as variáveis, exceto para massa seca da parte aérea (MS). Além disso, ocorreu interação entre a condição de sombreamento e substrato para altura de plantas (AP), número de folhas (NF), comprimento dos cotilédones (CC) e massa seca da parte aérea (MS) (Tabela 1).

Na avaliação dos caracteres o coeficiente de variação variou entre 2,67% para comprimento dos cotilédones (CC) e 30,07% para massa seca da parte

aérea (MS), demonstrando no geral, boa precisão para o ensaio e para o critério de avaliação (Tabela 1).

A germinação teve início no 8º dia após a semeadura e estendeu-se até o 18º dia. A percentagem de germinação variou de 52,47% para areia lavada com sombreamento até 93,32% para o substrato comercial na ausência de sombreamento. O latossolo e substrato comercial apresentaram médias de germinação superiores na condição sem sombreamento, evidenciando a necessidade de luz no processo de germinação de sementes de *J. curcas* (Tabela 2).

O índice de velocidade de emergência (IVE) variou de 2,09 para areia lavada com sombreamento até 9,80 para o latossolo na condição sem sombreamento (Tabela 2). O processo germinativo não inclui apenas a germinação *per se*, mas também a velocidade de crescimento, fator que contribui consideravelmente para a emergência das plântulas (Borghetti & Ferreira, 2004).

A mistura de latossolo apresentou as maiores médias nas duas condições para todos os caracteres avaliados, exceto germinação e IVE na ausência de sombreamento. A areia lavada apresentou as menores médias e os substratos latossolo, substrato comercial e terra vegetal não diferiram entre si para caracteres avaliados nas plântulas na condição sem sombreamento (Tabela 2).

Não houve diferença significativa entre os substratos mistura de latossolo, latossolo e o substrato comercial nas condições com e sem sombreamento (Tabela 2).

A terra vegetal e areia lavada foram os substratos com as menores médias de germinação, em desacordo com trabalhos realizados por Fogaça et al. (2007); Santos et al. (2007) e Martins et al. (2008). Estes autores realizaram testes de germinação em ambientes com controle de temperatura e umidade (câmara de germinação) e tiveram bons resultados com a utilização de areia lavada. Em situações não controladas a retenção de umidade na areia pode sofrer grande variação ao longo do dia e prejudicar a germinação das sementes.

O sombreamento provocou estiolamento, verificado pelo comportamento das plantas que apresentaram maiores médias para altura, largura e comprimento dos cotilédones, e caules com menores diâmetros nesta condição (Tabela 2).

**TABELA 1** - Resumo da análise de variância para percentagem de germinação (GERM%), índice de velocidade de emergência (IVE) altura de planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas (NF), comprimento do cotilédone (CCT), largura do cotilédone (LCT) e massa seca da parte aérea (MSA) em pinhão-mansão propagadas em 5 tipos de substratos e na ausência e presença de sombreamento (UFRB, Cruz das Almas-BA, 2009).

FV	Quadrado Médio								
	GL	GERM%	IVE	AP	DC	NF	CCT	LCT	MSA
Sombra	1	0,468**	87,864**	56,501**	0,051**	0,194**	5,483**	2,883**	24,601 <sup>ns</sup>
Resíduo	6	0,043	1,541	1,504	0,001	0,024	0,063	0,011	6,018
Substrato	4	0,123**	32,588**	78,413**	0,106**	2,235**	7,765**	5,470**	425,964**
Sombra*Substrato	4	0,047 <sup>ns</sup>	2,980 <sup>ns</sup>	2,412*	0,001 <sup>ns</sup>	0,109**	0,224**	0,095 <sup>ns</sup>	24,070*
Resíduo	24	0,024	1,217	0,408	0,001	0,022	0,039	0,035	7,807
CV%		14,70	17,06	4,67	4,95	8,62	2,67	2,93	30,07
Média		73,80	6,46	13,66	0,83	2,76	7,45	6,40	9,29

\*Significativo a 5% de probabilidade \*\*Significativo a 1% de probabilidade <sup>ns</sup>Não significativo pelo teste F.

**TABELA 2** - Média de germinação (GERM%), índice de velocidade de emergência (IVE), altura de planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas (NF), comprimento dos cotilédones (CCT), largura dos cotilédones (LCT) e massa seca da parte aérea (MSA) em Pinhão-manso propagados em 5 tipos de substratos e na ausência (S) e presença de sombreamento (C).

Caracteres	Substratos				
	MS <sup>1</sup>	L	SC	AL	TV
<b>GERM (S) (%)</b>	84,12 a A <sup>2</sup>	87,47 a A	93,32 a A	73,30 b A	71,65 b A
<b>GERM (C) (%)</b>	84,95 a A	65,77 a B	68,30 a B	52,47 b B	56,62 b A
<b>IVE (S)</b>	9,43 a A	9,80 a A	9,17 a A	4,01 b A	7,31 a A
<b>IVE (C)</b>	6,66 a B	5,92 a B	4,64 a B	2,09 b B	5,58 a B
<b>AP (S) (cm)</b>	16,96 a B	12,29 b B	11,64 b B	9,93 c B	11,58 b B
<b>AP (C) (cm)</b>	21,00 a A	13,67 b A	14,08 b A	11,31 c A	14,22 b A
<b>DC (S) (cm)</b>	1,07 a A	0,81 b A	0,85 b A	0,76 c A	0,86 b A
<b>DC (C) (cm)</b>	0,98 a B	0,75 b A	0,80 b A	0,69 c B	0,77 b B
<b>NF (S)</b>	7,75 a A	2,28 bc A	1,46 cd A	1,28 d A	2,54 b A
<b>NF (C)</b>	5,08 a B	1,79 c A	1,41 c A	0,99 c A	2,99 b A
<b>CCT (S) (cm)</b>	8,10 a B	7,04 b B	7,37 b B	5,78 c A	7,12 b B
<b>CCT (C) (cm)</b>	9,10 a A	7,61 c A	8,21 b A	6,03 d A	8,17 b A
<b>LCT (S) (cm)</b>	6,87 a B	6,01 b B	6,40 b B	4,97 c A	6,43 b B
<b>LCT (C) (cm)</b>	7,63 a A	6,47 c A	7,05 b A	5,17 d A	7,04 b A
<b>MSA (S) (cm)</b>	18,23 a B	5,45 b A	6,80 b A	4,30 c A	7,75 b A
<b>MSA (C) (cm)</b>	25,90 a A	5,42 b A	6,12 b A	4,10 c A	8,82 b A

<sup>1</sup>MS = Mistura de Latossolo, L = Latossolo, SC = Substrato Comercial (Plantmax<sup>®</sup>), AL = Areia Lavada e TV = Terra Vegetal; <sup>2</sup>Médias seguidas por letras minúsculas iguais na mesma linha e letras maiúsculas iguais na mesma coluna para cada variável não diferem entre si pelo teste de Tukey à 5% de probabilidade e pelo teste F do desdobramento da interação sombra x substrato, respectivamente.

A mistura de latossolo e ausência de sombreamento apresentaram bons resultados na propagação e multiplicação dos acessos de *J. curcas*, concordando com as recomendações feitas por Tominaga et al. (2007). Os resultados obtidos são fundamentais para a multiplicação de acessos e produção de mudas de *J. curcas*,

contribuindo para programas de conservação genética da espécie e na implantação de plantios comerciais.

### Experimento 2: Avaliação da percentagem de germinação e IVE em 27 acessos coletados no Estado da Bahia

Os 27 acessos avaliados apresentaram média de 70,60% de germinação e 2,98 de velocidade de emergência (IVE), havendo ampla variabilidade entre os acessos ( $p < 0,01$ ).

**TABELA 3** - Germinação de sementes (GERM%) e índice de velocidade de emergência (IVE) entre 27 acessos de *Jatropha curcas* L.

<b>Acesso</b>	<b>GERM%</b>	<b>IVE</b>
UFRB31	100,00 a	3,98 a
UFRB55	100,00 a	4,85 a
UFRB33	100,00 a	4,92 a
UFRB41	100,00 a	4,63 a
UFRB42	98,33 a	3,86 a
UFRB28	93,33 a	4,20 a
UFRB56	93,33 a	4,26 a
UFRB43	91,66 a	4,44 a
UFRB58	85,00 a	5,01 a
UFRB54	85,00 a	4,61 a
UFRB36	85,00 a	2,37 b
UFRB23	76,66 b	3,28 a
UFRB59	75,00 b	1,95 b
UFRB44	73,33 b	2,57 b
UFRB40	71,66 b	4,02 a
UFRB35	71,66 b	2,78 b
UFRB50	71,66 b	2,10 b
UFRB60	66,66 b	3,03 b
UFRB37	61,66 c	2,13 b
UFRB61	53,33 c	1,40 b
UFRB22	48,33 c	1,47 b
UFRB62	43,33 d	1,36 b
UFRB49	43,33 d	2,14 b
UFRB27	41,66 d	1,63 b
UFRB21	40,00 d	1,71 b
UFRB51	38,33 d	1,10 b
UFRB26	25,00 d	0,67 b
<b>Media Geral</b>	<b>70,60</b>	<b>2,98</b>

\*Médias seguidas de mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Dos 27 acessos, 11 apresentaram germinação entre 85% e 100%. Apenas o acesso UFRB26 apresentou menos de 30% de germinação. O teste de agrupamento de médias possibilitou a formação de 4 e 2 grupos para as variáveis germinação de semente e IVE, respectivamente (Tabela 3).

A variabilidade observada para porcentagem de germinação tem sido atribuída tanto a fatores genéticos como ambientais (Rego et al., 2005). Foram observados altos valores para o coeficiente de variação genética (Tabela 4), indicando a existência de variabilidade para os caracteres na população avaliada. Tendo em vista que o CV<sub>g</sub> é um parâmetro genético que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres (Resende, 2002).

Para a herdabilidade no sentido amplo os valores obtidos foram de 95,26% para germinação de sementes e de 79,64% para o IVE (Tabela 4), indicando alta possibilidade de ganhos genéticos, tendo em vista que o progresso esperado com a seleção depende da proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica (Resende, 2002), da intensidade de seleção e do desvio padrão fenotípico dos caracteres (Dudley & Moll, 1969).

**TABELA 4** - Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres germinação de semente (GERM%) e índice de velocidade de emergência (IVE).

Parâmetros*	GERM%	IVE
$\hat{\sigma}_g^2$	0,096	1,484
$\hat{\sigma}_e^2$	0,004	0,379
$\hat{\sigma}_f^2$	0,101	1,863
$h^2_{(amplo)}$	0,952	0,796
$\hat{r}_{aa}$	0,976	0,892
$CV_g$	28,900	40,818
$CV_e$	11,115	35,738
$CV_g / CV_e$	2,590	1,142
$GS_c \%$	29,941	7,142

\*  $\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância ambiental;  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica;  $h^2_{(amplo)}$ : herdabilidade no sentido amplo;  $\hat{r}_{aa}$ : acurácia seletiva;  $CV_g$ : coeficiente de variação genotípica;



$CV_e$  : coeficiente de variação residual,  $GS_e\%$  : ganhos genéticos corrigidos em percentagem com a seleção das 11 melhores matrizes.

Os valores estimados para acurácia seletiva foram de 0,976 para germinação de semente e de 0,892 para o IVE (Tabela 4), evidenciando a eficiência experimental na predição dos melhores genótipos, tendo em vista que a acurácia se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do indivíduo e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (Costa et al., 2005).

Estudos desta natureza permitem estimar de que forma ou em que magnitude as populações podem responder a diferentes pressões de seleção impostas pelo ambiente ou em programas de seleção artificial (Veasey et al. 2000), determinando os métodos mais eficientes de seleção a serem utilizados nos programas de melhoramento vegetal (Rego et al. 2005).

A seleção de matrizes que apresentam elevada germinação de sementes é fundamental, pois a utilização de sementes de alta qualidade é a base para se obter estande adequado e lavouras uniformes, constituídas por plantas vigorosas e sadias.

O alto grau de variabilidade encontrado entre os genótipos de pinhão-manso, juntamente com a elevada herdabilidade e acurácia, além da relação  $CV_g/CV_e$  superior a unidade são condições favoráveis a seleção (Vencovsky & Barriga, 1992; Resende, 2002; Cruz et al., 2004). Isto sugere que métodos de melhoramento simples podem ser aplicados, obtendo ganhos consideráveis para potencial germinativo de sementes e índice de velocidade de emergência.

Considerando a seleção entre progênies, com os 11 melhores acessos selecionados, o coeficiente de endogamia da próxima geração foi estimado em 0,045 e o ganho de seleção corrigido foi de 29,94% para o caráter germinação de semente (Tabela 5).

No momento da propagação, os 27 acessos apresentavam um tamanho efetivo populacional de 102,85 e após a germinação o  $N_e$  caiu para 92,14. Na utilização do controle gamético feminino durante o processo de amostragem em populações naturais de pinhão-manso, 60 sementes são suficientes para o sucesso na etapa de propagação, pois na conservação genética, são recomendados entre 10

e 20 indivíduos por família (Resende, 2002) e todos os acessos foram introduzidos com 22 plantas por família.

Em sementes conservadas à longo prazo a variação para os caracteres relacionados à germinação de sementes entre acessos de *J. curcas* pode levar a perda de alelos durante o processo de multiplicação e regeneração de germoplasma.

**Tabela 5** - Médias fenotípicas (MF), Ganhos de seleção (GS), Ganhos de seleção corrigidos (GS<sub>c</sub>), ganhos de seleção em percentagem (GS<sub>c</sub>%) e o coeficientes de endogamia da população recombinada (F) com a seleção das 11 melhores acessos para o caráter germinação de semente em pinhão-manso (Cruz das Almas, Bahia, 2010).

<b>Acesso</b>	<b>MF</b>	<b>GS</b>	<b>GS<sub>c</sub></b>	<b>GS<sub>c</sub>%</b>	<b>F</b>
UFRB31	100,00	27,980 <sup>a</sup>	13,999 <sup>b</sup>	19,828 <sup>c</sup>	0,500 <sup>d</sup>
UFRB55	100,00	27,980	20,890	29,717	0,250
UFRB33	100,00	27,980	23,221	32,880	0,166
UFRB41	100,00	27,980	24,482	34,677	0,125
UFRB42	98,33	27,618	24,840	35,196	0,100
UFRB28	93,33	26,666	24,426	34,591	0,083
UFRB56	93,33	25,947	24,078	34,104	0,071
UFRB43	91,66	25,328	23,732	33,614	0,062
UFRB58	85,00	24,038	22,691	32,140	0,055
UFRB54	85,00	23,005	21,854	30,954	0,050
UFRB36	85,00	22,159	21,139	29,941	0,045

<sup>a</sup>Ganho de seleção, <sup>b</sup>ganho de seleção corrigido, <sup>c</sup>ganho de seleção corrigido em percentagem e <sup>d</sup>coeficiente de endogamia da próxima geração: valores decrescentes com o aumento do número de acessos selecionados.

## CONCLUSÃO

O substrato composto por latossolo com esterco, cloreto de potássio e super simples na ausência de sombreamento apresentou os melhores resultados para produção de mudas de pinhão-manso.

O pinhão-manso apresenta ampla variabilidade para germinação de sementes e com a seleção das 11 melhores matrizes os ganhos de seleção estimados foram de 29,94% e de 7,14% para germinação e IVE, respectivamente, podendo auxiliar no processo de domesticação e melhoramento genético da espécie.

A coleta de 60 sementes por planta é suficiente para a manutenção da variabilidade genética dentro de famílias durante as etapas de amostragem, propagação e conservação dos acessos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BANZATTO, D.A.; KRONKA, S.N. **Experimentação Agrícola**. 4ed. Jaboticabal. Funep, 2006, 237p.

BORGHETTI, F.; FERREIRA, A.G. Interpretação de resultados de germinação. In: FERREIRA, A.G.; BORGHETTI, F. **Germinação: do básico ao aplicado**. Porto Alegre. Artmed, 2004, 323p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília, DF: Mapa/ACS, 2009. 395p.

COSTA, R.B.; CHICHORRO, J.F.; RESENDE, M.D.V.de.; ROA, P.A.R.; COTTA, T.R.; CEZANA, D.P. Variabilidade Genética para o caráter germinação em matrizes de Teca, no município de Alegre, ES. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n.59, p.57-61, 2009.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.de.; CONTINI, A.Z.; REGO, F.L.H.; ROA, R. A.R.; MARTINS, R.W. Avaliação genética de indivíduos de erva-mate (*Ilex paraguayensis* St. Hil.) na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, v.15, p.371-376, 2005.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, Editora UFV, 2001, 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. **Crop Science**, v. 2, p.257-262, 1969.

FIGLIOLIA, M.B.; OLIVEIRA, E.C.; RODRIGUES, F.C.M.P. Análise de sementes. In: AGUIAR, I.B.; RODRIGUES, F.C.M.P.; FIGLIOLIA, M.B. (Eds.). **Sementes Florestais Tropicais**, 1993. p.137-174.

FOGAÇA, C.A.; SILVA, L.L.; POLIDORO, J.C.; BREIER, T.B.; LELES, P.S.S. Metodologia para a condução do teste de germinação em sementes de *Jatropha curcas* L.. In: Congresso Brasileiro de Plantas Oleaginosas, Óleos, Gorduras e Biodiesel, 4., 2007, Varginha, MG. **Anais...** Varginha, 2007. p.1351-1357.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1981.

MAGUIRE, J.D. Speed of germination-aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, v.2, p.176-177, 1962.

MARTINS, C.C.; MACHADO, C.G.; CAVASINI, R. Temperatura e substrato para o teste de germinação de sementes de pinhão-manso. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, p.863-868, 2008.

MONTGOMERY, D.C. **Design and analysis of experiments**, New York. John Wiley & Sons 1991, 649p.

NUNES, C. F. **Caracterização de frutos, sementes e plântulas e cultivo de embriões de Pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)**. 2007. 78f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

OLIVEIRA, M.S.P.; NETO, J.T.F.; NASCIMENTO, W.M. O. Parâmetros genéticos para caracteres germinativos em vinte progênies de açaizeiro promissoras para palmito. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 46, p. 105-113, 2003.

REGO, F.L.H.; COSTA, R.B.; CONTINI, A.Z.; MORENO, R.G.S.; RONDELLI, K.G.S.; KUMIMOTO, H.H. Variabilidade genética e estimativa de herdabilidade para o caráter germinação em matrizes de *Albizia lebbbeck*. **Ciência Rural**, v. 35, n. 5, p. 1209-1212, 2005.

REIS, M.S.; MARTINS, P.S. Determinação de parâmetros genéticos relacionados com a dormência das sementes de espécies de *Stylosanthes* Sw. **Revista Ceres**, v. 33, p. 363-371, 1986.

RESENDE, M.D.V.de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002, 975p.

RESENDE, M.D.V.de.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: Improving Fibre Yield And Quality", 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: IUFRO-CRCTHF, 1995. p.167-170.

SANTOS, D.C.; SANTOS NETO, A.L.; CARVALHO, M.L.M.; OLIVEIRA, J.A.; FRAGA, A.C. Adequação do teste de germinação para sementes de pinhão-manso. In: Congresso Brasileiro de Plantas Oleaginosas, Óleos, Gorduras e Biodiesel, 4., 2007, Varginha, MG. **Anais...** Varginha, 2007. p.847-852.

SAS Institute Inc. (2007). **SAS<sup>®</sup> 9.1.3 (TS1M3) for Windows Microsoft**. Cary, NC, SAS Institute Inc.

SATURNINO, H.M.; PACHECO, D.D.; KAKIDA, J.; TOMINAGA, N.; GONÇALVES, N.P. Cultura do Pinhão manso ( *Jatropha curcas* L.). Produção de oleaginosas para biodiesel. **Informe Agropecuário**, v.26, p.44-74, 2005.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York, McGraw-Hill Press, 1980, 633p.

TAO, K.L. Genetic alteration and germplasm conservation. In: FU, J.; KHAN, A.A. (Org.). **Advances in the science and technology of seeds**. Beijing: Science Press, 1992. p.137-149.

TOMINAGA, N.; KAKIDA, J.; YASUDA, E.K. **Cultivo de pinhão-manso para produção de biodiesel**. Viçosa, MG, CPT, 2007. 220p.

VEASEY, E.A.; FREITAS, J.C.T.; SCHAMMANSS, E.A. Variabilidade da dormência de sementes entre e dentro de espécies de *Sesbania*. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 2, p. 299-304, 2000.

VEASEY, E.A.; MARTINS, P.S. Variability in seed dormancy and germination potencial in *Desmodium* Desv. (Leguminosae). **Revista Brasileira de Genética**, v. 14, n. 2, p. 527-545, 1991.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, n. 35, p. 79 - 84, 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto. Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VIEIRA, J.V.; CRUZ, C.D.; NASCIMENTO, W.M.; MIRANDA, J.E.C. Seleção de progênies de meio-irmãos de cenoura baseada em características de sementes. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 44-47, 2005.

ZIMMERMANN, F.J.P. **Estatística aplicada à pesquisa agrícola**. Santo Antonio de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão, 2004, 402p.

## **CAPÍTULO 3**

### **PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO PARA CARACTERES VEGETATIVOS E DE PRODUÇÃO EM PINHÃO-MANSO<sup>3</sup>**

---

<sup>3</sup>Artigo submetido ao comitê editorial do periódico científico Pesquisa Agropecuária Brasileira

## **PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO PARA CARACTERES VEGETATIVOS E DE PRODUÇÃO EM PINHÃO-MANSO**

Autor: Bruno Portela Brasileiro

Orientadora: Simone Alves Silva

Co-orientador: Deoclides Ricardo de Souza

**RESUMO:** Os testes de progênies vêm sendo utilizados na estimativa de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção para caracteres vegetativos e de produção em famílias de meios irmãos de pinhão-manso via método de modelos mistos (REML/BLUP), de forma a subsidiar os programas de conservação e melhoramento genético da espécie. O teste de progênie foi instalado com 20 famílias de meios irmãos em 4 blocos e 10 plantas por parcela. As variáveis, número de cachos (NC) e estatura de planta (EP) apresentaram valores de acurácia seletiva superior a 0,70 e a variável número de frutos (NF) apresentou acurácia de 0,69. Entretanto, as variáveis, diâmetro do caule (DC), número de ramificações primárias (RP) e secundárias (RS) e sobrevivência de plantas (SB), apresentaram baixas herdabilidade e acurácia. Os valores de herdabilidade para média de progênie foram de 35% para número de sementes (NS), 50% para NC, 47% para NF e de 66% para EP, revelando boas perspectivas para seleção precoce. A seleção para o caráter EP que apresentou alta acurácia seletiva (0,81) e elevada correlação genética (0,95) com o NF, pode levar a ganhos genéticos de produção expressivos. A acurácia da seleção indireta (0,76) foi superior a acurácia da seleção direta (0,69), demonstrando a eficiência da resposta correlacionada entre estatura de planta e número de frutos.

Palavras-chave: Acurácia Seletiva, Correlação Genética e Análise de Trilha.



## **GENETIC PARAMETERS AND SELECTION GAINS FOR VEGETATIVE AND PRODUCTION TRAITS IN PHYSIC NUT (*Jatropha curcas* L.)**

Author: Bruno Portela Brasileiro

Aadvisor: Simone Alves Silva

Co-advisor: Deoclides Ricardo de Souza

**ABSTRACT:** The progenies tests have been used in the estimation of genetic parameters and selection of individuals when seeks to evaluate the magnitude and nature of genetic variance available. The aim of this work was to estimate genetic parameters and gain selection for vegetative and production traits among 20 families of half sib of physic nut, subsiding programs for conservation and breeding of the species. The variables, number of clusters (NC) and plant height (EP) presented accuracy selective values upper to 0,70 and the variable number of fruit (NF) showed an accuracy of 0,69. However, the variables stem diameter (DC), number of primary (RP) and secondary branches (RS) and survival of plants (SB) showed low heritability and accuracy. The heritability values for average of the progeny were 35% for number of seed (NS), 50% for NC, 47% for NF and 66% for EP, indicating good prospects for an early selection. The selection for the trait EP which showed high selective accuracy (0,81) and high genetic correlation (0,95) with the NF can lead to significant selective gains in production. The accuracy of indirect selection (0,76) was higher than the accuracy of direct selection (0,69), demonstrating the efficiency of correlated response between plant height and fruit number.

**Keywords:** Selective Accuracy, Genetic Correlation and Path Analysis.

## INTRODUÇÃO

A espécie *Jatropha curcas* L. tem sido uma alternativa para os programas de biodiesel, devido a sua alta produtividade e rusticidade aliada à qualidade do óleo extraído de suas sementes (Openshaw, 2000; Saturnino et al., 2005), que contêm entre 30-35% de óleo que podem ser convertido em biodiesel de boa qualidade via trans-esterificação (Foidl et al., 1996).

Somente nos últimos 30 anos é que iniciaram estudos agrônômicos sobre a espécie, sendo uma planta ainda não domesticada (Saturnino et al., 2005; Fairless, 2007; Achten et al., 2008). Pouco é conhecido da fisiologia da espécie e aspectos agrônômicos devem ser mais bem investigados (Achten et al., 2010). Atualmente, existem diversos trabalhos de pesquisas com o pinhão-mansão, entretanto, o grau de melhoramento desta espécie é ainda incipiente e causa preocupação aos pesquisadores.

Recentemente, diferentes programas de melhoramento do pinhão-mansão foram implantados no Brasil, com a realização inicial de avaliações na fase juvenil em famílias de meios irmãos (Abreu et al., 2009; Juhász et al., 2010; Carvalho, 2010). Estes programas tem se diferenciado principalmente quanto ao número de genótipos, tamanho de parcela e número de repetições utilizados, fatores que afetam as estimativas de parâmetros genéticos e a predição de ganhos de seleção.

A utilização de métodos eficientes de melhoramento depende, fundamentalmente, do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados, tais como número de genes que o governam, as ações e efeitos gênicos, herdabilidade, repetibilidade e a correlação entre os caracteres (Hallauer, 2007).

Para obter sucesso no melhoramento de espécies perenes são necessários conhecimentos sólidos do germoplasma, dos métodos de seleção e de melhoramento genético, destacando-se o emprego da genética quantitativa (Resende, 2002).

Os testes de progênies têm sido utilizados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, com vistas a quantificar e maximizar os

ganhos genéticos, utilizando-se o procedimento de seleção adequado (Costa et al., 2006).

Resende e Duarte (2007) sugerem que os testes de progênes sejam abordados do ponto de vista genético e estatístico. Além disso, Resende (2002) propõe o uso da acurácia seletiva devido a sua propriedade de informar sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico do indivíduo.

A acurácia seletiva é o principal componente do progresso genético que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho de seleção, podendo ser incrementada por meio da experimentação (Resende, 2002).

A análise de variância (ANOVA) e análise de regressão foram durante muito tempo os principais métodos de análise e modelagem estatísticos. Estas técnicas apresentam como suposição básica a independência dos erros. Entretanto, o método denominado predição linear não viesada (BLUP) permite relaxar tal suposição, possibilitando maior flexibilidade na modelagem e conduzindo a estimações e predições mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos (Resende, 2004).

A predição usando BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos. Porém, na prática são necessárias estimativas fidedignas dos componentes de variância de forma a obter-se o BLUP empírico (Harville & Carriquiry, 1992), sendo atualmente, a máxima verossimilhança restrita (REML) o procedimento padrão de estimação dos componentes de variância (Patterson & Thompson, 1971; Resende, 2000).

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção para caracteres vegetativos e de produção em famílias de meios irmãos de pinhão-manso via metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), subsidiando programas de melhoramento genético da espécie.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram utilizadas 20 famílias de meios irmãos de pinhão-manso no teste de progênie, sendo 17 famílias oriundas da estação experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA) localizada em Alagoinhas-BA e 3 famílias da EBDA de Irará-BA. Os acessos foram implantados em maio de 2008 em uma área

de 0,86 hectare, de Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico pertencente ao Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Campus de Cruz das Almas, BA, Brasil.

O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é caracterizado por uma zona de transição entre as zonas Am (clima quente e úmido com pequena estação seca) e Aw (clima quente e úmido com chuvas de verão). A precipitação pluviométrica média anual é de 1.224 mm, temperatura média anual de 24°C e umidade relativa do ar de 80%.

O experimento foi instalado no delineamento em blocos casualizados (DBC) com 20 tratamentos, 4 repetições e 10 plantas por parcela, totalizando 800 plantas. Adotou-se o espaçamento de 3 m entre plantas e 5 m entre linhas e obedeceu-se uma sistemática de plantio direto (pé franco) em covas 30 x 30 x 30 cm, com adubação de plantio composta apenas por esterco bovino curtido (2 Kg/cova), com uma adubação de cobertura aos 90 e 120 dias com 20 gramas NPK 10.10.10 por planta.

Aos 24 meses após o estabelecimento do experimento foram avaliados os caracteres: número de cachos (NC), número de frutos (NF), número de sementes (NS), diâmetro do caule (DC); número de ramificações primárias (RP); número de ramificações secundárias (RS), estatura de planta (EP) e sobrevivência de plantas (SB).

Os dados foram analisados a partir de equação de modelo misto (MME) via máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor preditor linear não viesado (BLUP) apresentado por Resende (2002), por meio do seguinte modelo estatístico:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

Em que:  $y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c$  e  $e$ , são respectivamente: vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixo), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros (aleatórios).

$X$ ,  $Z$  e  $W$ : matriz de incidência para  $b$ ,  $a$  e  $c$  respectivamente.

Foram estimados os seguintes componentes de variância associados aos referidos efeitos:

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  : variância entre parcelas;

$\hat{\sigma}_e^2$  : variância residual dentro de parcelas (ambiental + não aditiva);

$\hat{\sigma}_d^2$  : variância genética de dominância.

$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2$  : variância fenotípica

A partir dos componentes de variância foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

$h_{mp}^2 = \frac{0,25 \hat{\sigma}_a^2}{0,25 \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 / b + \hat{\sigma}_e^2 / (nb)}$  : herdabilidade média da progênie, no sentido

amplo;

$\hat{r}_{\hat{a}a} = \sqrt{h_{mp}^2}$  : acurácia seletiva;

$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{m} 100$  : coeficiente de variação genética individual;

$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m} 100$  : coeficiente de variação ambiental dentro da parcela;

$CV_r = \frac{\frac{\sqrt{0,25 \hat{\sigma}_a^2}}{m} 100}{CV_e(\%)}$  : coeficiente de variação relativo.

Com base nos parâmetros genéticos foi possível estimar o ganho genético de seleção:

$GS = k \hat{r}_{\hat{a}a} \sigma_a$  : ganho de seleção;

$RC_{(y/x)} = k r_{a(x,y)} h_x \sigma_{ay}$  : ganho genético indireto para o caráter y com base na seleção no caráter x.

Em que  $k$  = intensidade de seleção,  $\hat{r}_{\hat{a}a}$  = acurácia seletiva,  $\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva,  $r_{a(x,y)}$  = correlação genética entre os caracteres x e y,  $h_x$  = acurácia

seletiva do caráter  $x$ ,  $m$  = média geral  $n$  = número de plantas por parcela e  $b$  = número de repetições.

As análises estatísticas dos dados e as estimativas de parâmetros genéticos foram realizadas com a utilização do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2006). A partir da matriz de correlação genética foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade e a análise de trilha com a utilização do programa Genes (Cruz, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes às estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados dois anos após o plantio são apresentados na Tabela 1.

**Tabela 1** - Parâmetros genéticos para número de cachos (NC), número de frutos (NF), número de sementes (NS), número de ramificações primárias (RP); número de ramificações secundárias (RS), diâmetro do caule (DC); estatura de planta (EP) e sobrevivência de plantas (SB).

Parâmetro	NC	NF	NS	RP	RS	DC	EP	SB
$\hat{\sigma}_a^2$	0,25	3,08	9,36	0,06	0,42	0,10	271,71	0,003
$\hat{\sigma}_e^2$	1,20	19,14	102,92	1,28	11,08	11,82	140,13	0,081
$\hat{\sigma}_f^2$	1,56	23,44	118,22	1,37	12,87	12,15	511,63	0,086
$h_a^2$	0,16	0,13	0,07	0,04	0,03	0,008	0,53	0,03
$h_{mp}^2$	0,50	0,47	0,35	0,26	0,14	0,06	0,66	0,25
$\hat{r}_{aa}$	0,71	0,69	0,49	0,51	0,38	0,26	0,81	0,50
$CV_{gi}$	117,79	114,19	90,48	7,38	8,92	5,04	17,01	6,28
$CV_e$	116,34	119,17	121,70	12,15	21,62	18,72	11,95	10,78
$CV_r$	0,50	0,47	0,37	0,30	0,20	0,13	0,71	0,29
Média	0,42	1,53	3,38	3,37	7,31	6,35	96,86	0,90
GS %	46,47	32,90	11,20	0,22	0,18	0,02	20,32	0,07

Os caracteres, número de cachos (NC) e estatura de planta (EP) apresentaram valores de acurácia seletiva superior a 0,70 e a variável número de frutos (NF) apresentou acurácia de 0,69 (Tabela 1). Este parâmetro refere-se à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros.

Quanto maior a acurácia, maior a confiança na avaliação, no valor predito dos indivíduos e nos ganhos de seleção. Valores de acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênies. Além disso, a avaliação da qualidade experimental deve ser inferida com base na acurácia, devido a facilidade de interpretação (Resende, 2002).

No geral as herdabilidades no sentido individual foram de baixa magnitude, variando de 3 a 53% (Tabela 1). No entanto, a seleção individual pelo procedimento BLUP considera também as informações de parentes, fato que propicia uma maior acurácia seletiva, além disso, baixas herdabilidades no sentido restrito são esperadas para caracteres quantitativos (Resende, 2002; Cruz et al., 2004).

Os valores de herdabilidade para média de progênie foram de 50% para NC, 47% para NF, 35% para NS, 26% para RP; 14% para RS, 6% para DC, 66% para EP e de 25% para SB (Tabela 1), o que demonstra boas perspectivas para seleção precoce com relação aos caracteres estatura de planta, número de cachos e número de frutos por planta.

Com a seleção das 10 melhores plantas para os caracteres NC, NF e EP, o ganho de seleção predito foi de 46,47%, 32,90% e de 20,32%, respectivamente, demonstrando a possibilidade de ganhos de seleção elevados na primeira produção. Entretanto, a utilização de medidas repetidas poderá fornecer maior segurança na seleção dos melhores genótipos.

Os coeficientes de variação genética individual apresentaram valores expressivos para todos os caracteres, com destaque para as variáveis de produção e estatura de planta (Tabela 1). O  $CV_{gi}$  é um parâmetro relevante nos estudos de genética quantitativa uma vez que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres, pois expressam em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente (Resende, 2002; Cruz et al., 2007).

Os parâmetros genéticos obtidos para os caracteres vegetativos são similares aos obtidos por Abreu et al. (2009) e Juhász et al. (2010) na avaliação de progênies

de meios irmãos de pinhão-manso com menos de 12 meses, entretanto, esses autores obtiveram maiores valores de acurácia, provavelmente devido ao grande número de repetições utilizado, já que a acurácia seletiva pode ser incrementada por meio de maior número de repetições (Resende, 2002).

Para o caráter estatura de planta os valores de herdabilidade (0,66) e acurácia seletiva (0,81) foram expressivos e próximos dos resultados obtidos por Abreu et al. (2009) e Juhász et al. (2010) e por Carvalho (2010) ao avaliar os 20 acessos do presente estudo após 12 meses de plantio. Esses autores sugerem a avaliação de caracteres vegetativos e o estudo de correlação com caracteres de produção.

O aproveitamento rápido e eficiente da variabilidade genética disponível é essencial, e o conhecimento sobre as correlações entre os caracteres constituem um dos caminhos para se ganhar tempo e reduzir esforços (Cruz, 2005), pois auxilia na escolha de procedimentos adequados de seleção (Santos & Vencovsky, 1986).

No presente estudo, caracteres de produção apresentaram alta correlação genética com as variáveis vegetativas (Tabela 2), assim como ocorre em outras espécies perenes, como, por exemplo, em açaí (Farias Neto et al., 2005), café (Freitas et al., 2007) e seringueira (Martinez et al., 2007).

**Tabela 2** - Correlações genéticas entre os caracteres número de frutos (NF), número de sementes (NS), número de ramificações primárias (RP); número de ramificações secundárias (RS), estatura de planta (EP) e sobrevivência de plantas (SB).

<b>Caracteres</b>	NF	NS	RP	RS	DC	EP	SB
NC	0,98**	0,96**	-0,11	0,81**	0,62**	0,92**	-0,53*
NF		0,98**	-0,10	0,83**	0,56*	0,95**	-0,50*
NS			-0,05	0,87**	0,55*	0,90**	-0,37
RP				0,11	0,06	-0,15	0,24
RS					0,55*	0,76**	-0,30
DC						0,63**	-0,35
EP							-0,52*

\*significativo a 5% de probabilidade e \*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.



Foi possível verificar uma alta correlação genética positiva entre estatura de planta (EP) com o número de cachos (NC), número de frutos (NF), número de sementes (NS), diâmetro do caule (DC) e número de ramificações secundárias (RS) (Tabela 2).

Alta correlação entre estatura de plantas e caracteres de produção também foi verificado por Rao et al. (2008) avaliando acessos de *J. curcas*. Martinez et al. (2007) e Carvalho et al. (2010) avaliando genótipos de *Coffea arabica* e Costa et al. (2008) avaliando progênies de *Hevea brasiliensis*, também verificaram alta correlação entre altura de planta e a primeira produção.

O pleiotropismo tem sido apontado como a principal causa de correlação genética, enquanto que a ligação gênica leva a correlações transitórias, principalmente em populações derivadas do cruzamento entre linhagens divergentes (Falconer, 1987).

A utilização dos coeficientes de correlação possui relevância para a quantificação da associabilidade entre duas variáveis. Entretanto, quando são analisadas as relações entre um caráter de natureza complexa e seus componentes, faz-se necessário, também, a obtenção dos efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre a variável básica (Vencovsky & Barriga, 1992).

A utilização da análise de trilha permite uma interpretação mais consistente das associações, possibilitando avaliar se a relação entre duas variáveis é de causa e efeito ou determinada pela influência de outras variáveis (Vencovsky & Barriga, 1992; Cruz & Carneiro, 2006).

Problemas de multicolinearidade podem tornar singular a matriz de correlação entre as variáveis explicativas, fazendo com que as estimativas de quadrados mínimos não sejam confiáveis (Cruz & Carneiro, 2006). Entretanto, esses problemas não foram encontrados na matriz de correlação genética entre as variáveis utilizadas na análise de trilha (Tabela 3).

Valores de  $VIF_k$  menores que 10, juntamente com índices de condição reduzidos, valores singulares elevados e o número de condição menor que 100 (NC=44,79) (Tabela 3), caracterizam multicolinearidade fraca (Montgomery & Peck, 1981), não constituindo problemas na decomposição dos coeficientes de correlação via regressão.

**Tabela 3** - Diagnóstico de multicolinearidade da matriz de correlação dos caracteres número de cachos (NC), ramificações primárias (RP), ramificações secundárias (RS), diâmetro do caule (DC) e estatura de planta (EP).

Ordem	Autovalor	Valor Singular	Índice de Condição	VIF <sub>k</sub>
1	3,1671	1,7796	1,0000	8,6621
2	1,0613	1,0302	1,7274	1,2176
3	0,4966	0,7047	2,5253	3,3953
4	0,2042	0,4519	3,9379	1,7404
5	0,0706	0,2658	6,6931	7,2969

Número de condição = 44,79 (multicolinearidade fraca); Determinante da matriz = 0,0241

As estimativas dos coeficientes de correlação entre NF com NC e EP são semelhantes aos respectivos efeitos diretos em magnitude e sinal (Tabela 4) apresentado valores elevados e superando a estimativa de efeito residual, evidenciando que estas correlações explicam a verdadeira associação existente e, neste caso, a seleção de plantas com maior NC e EP podem resultar em genótipos mais produtivos.

**Tabela 4** - Efeitos diretos (na diagonal) e indiretos das variáveis: número de cachos (NC), número de ramificações primárias (RP), ramificações secundárias (RS), diâmetro do caule (DC) e estatura de plantas (EP) sobre o caráter número de frutos (NF).

Caracteres	NF					
	NC	RP	RS	DC	EP	Total
NC	<b>0.7097</b>	-0.0028	0.0678	-0.0682	0.2775	0.9841
RP	-0.0808	<b>0.0249</b>	0.0094	-0.0061	-0.0461	-0.0988
RS	0.5764	0.0028	<b>0.0835</b>	-0.0611	0.2282	0.8299
DC	0.4392	0.0013	0.0463	<b>-0.1102</b>	0.1880	0.5648
EP	0.6557	-0.0038	0.0634	-0.0689	<b>0.3003</b>	0.9468

Efeito residual = 0,11; R<sup>2</sup>=0,98

O efeito indireto de EP via NC (0,65) também indica a possibilidade da seleção via EP como estratégia na obtenção de ganhos genéticos de forma precoce,

pois EP apresenta forte efeito sobre o componente primário (NC) e o caráter principal (NF). Além disso, o caráter EP apresenta alta acurácia seletiva (0,81) podendo levar a ganhos genéticos expressivos para caracteres de produção.

A alta correlação entre estatura de planta aos dois anos e genótipos mais produtivos poderá levar a diminuição dos riscos e custos da produção de sementes de pinhão-manso, possibilitando a seleção de plantas precoces e obtenção de lavouras mais uniformes.

Spinelli et al. (2010) ao avaliarem o efeito dos componentes primários e secundários sobre o rendimento de óleo em pinhão-manso a partir da matriz de correlação fenotípica, concluíram que o volume de copa foi a variável de maior influência sobre o rendimento de óleo. Entretanto, Juhász et al (2010) estimaram baixos valores de herdabilidade e acurácia seletiva para o caráter volume de copa, o que dificulta a sua utilização como caráter auxiliar.

O ganho genético indireto via EP foi estimado em 0,46 frutos com a seleção dos 10 indivíduos de maior estatura avaliados aos dois anos de idade (Tabela 5).

**Tabela 5** - Ganho esperado com a seleção das dez melhores plantas de *Jatropha curcas* L., para o caráter estatura de planta (EP).

Família	Bloco	Árvore	VG*	GS	GS%
20	1	7	139,22	22,45	23,18
19	2	5	138,69	22,31	23,03
20	1	8	138,04	22,15	22,86
20	1	10	135,67	21,75	22,46
19	4	6	134,18	21,36	22,05
18	2	5	134,16	21,09	21,77
20	4	8	131,76	20,72	21,39
19	2	9	130,40	20,35	21,01
20	3	10	129,10	19,99	20,64
20	4	2	128,80	19,68	20,32

\*VG=valor genotípico predito, GS= ganho de seleção, GS%= ganho de seleção em percentagem.

A acurácia da seleção indireta ( $h_x r_{a(x,y)} = 0,76$ ) foi superior a acurácia da seleção direta ( $h_y = 0,69$ ), demonstrando a eficiência da resposta correlacionada entre estatura de planta e número de frutos.

Em *J. curcas*, as variáveis mensuradas e outras características, como teor e rendimento de óleo, devem ser avaliadas por anos consecutivos, sendo que estimativas de repetibilidade serão eficientes na predição dos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (Juhász et al., 2010).

Avaliações sucessivas poderão confirmar o desempenho dos materiais genéticos, sendo que o procedimento BLUP deve ser empregado por possibilitar maiores ganhos de seleção e a maximização da acurácia seletiva.

## CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética na população avaliada, com altas estimativas de acurácia, demonstrando a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos para caracteres vegetativos e de produção aos 24 meses após o plantio.

O caráter estatura de planta pode ser utilizado na seleção indireta em populações de Pinhão-mansão com vistas a obtenção de genótipos superiores.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F.B.; RESENDE, M.D.V.de.; ANSELMO, J.L.; SATURNINO, H.M.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B. de. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansão na fase juvenil. **Magistra**, v.21, p.36-40, 2009.

ACHTEN, W.M.J.; MATHIJS, E.; VERCHOT, L.; SINGH, V.P.; AERTS, R.; MUYS, B.; et al. *Jatropha* bio-diesel production and use. **Biomass & Bioenergy**. v.32, p.1063-1084, 2008.

ACHTEN, W.M.J.; NIELSEN, L.R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A.G.; KJAER, E.D.; TRABUCO, A.; HANSEN, J.K.; MAES, W.H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v.1, p.91-107, 2010.

CARVALHO, A.M.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, G.R.; BOTELHO, C.E.; GONÇALVES, F.M.A.; FERREIRA, A.D. Correlação entre crescimento e produtividade de cultivares de café em diferentes regiões de Minas Gerais, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.269-275, 2010.

CARVALHO, D.S. **Comportamento genético de progênies de meios irmãos de pinhão manso no recôncavo baiano, Brasil**. 2010. 41f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2010.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.de.; GONÇALVES, O.S.; REGO, F.L.H.; CONTINI, A.Z.; ROA, R.A.R.; MARTINS, W.J. Genetic evaluation of *Hevea brasiliensis* [(Willd ex Adr. De Juss.) Muell. Arg.] for juvenile vigour using the REML/BLUP method. **Floresta & Ambiente**, v.12, p.8-14, 2006.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.de.; GONÇALVES, P.S.; OLIVEIRA, L.C.S.; ÍTAVO, L.C.V.; ROA, R.A.R. Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em seringueira. **Bragantia**, v.67, p.649-654, 2008.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, Editora UFV, 2001, 648p.

CRUZ, C.D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 2005, 394p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. v.2, 585p.

CRUZ, C.D.; MOURA, M.C.C.L.; FERREIRA, A.; MASCARENHAS, K.M.; ARAÚJO, J.R.G.; MARTINS, M.R. Utilização da Biometria no melhoramento genético do bacurizeiro. In: LIMA, M.C. (Org.). **Bacuri: (*Platonia insignis* Mart.-Clusiaceae)**. **Agrobiodiversidade**. São Luiz: Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura, 2007, 210p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

FAIRLESS, D. Biofuel: the little shrub that could – maybe. **Nature**, v.449, p.652-655, 2007.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FARIAS NETO, J.T.; OLIVEIRA, M.S.P.; MULLER, A.A.; NOGUEIRA, O.L.; ANAISSI, D.F.S.P. Variabilidade genética em progênies jovens de açaizeiro. **Cerne**, v.11, p.336-341, 2005.

FOIDL, A.; FOIDL, G.; SANCHEZ, M.; MITTELBACH, M.; HACKEL, S. *Jatropha curcas* L. as a source for the production of biofuel in Nicaragua. **Bioresource Technology**, v. 58, p.77-82, 1996.

FREITAS, Z.M.T.S.de; OLIVEIRA, F.J.de; CARVALHO, S.P.de; SANTOS, V.F.dos; SANTOS, J.P.O. Avaliação de caracteres quantitativos relacionados com o crescimento vegetativo entre cultivares de café arábica de porte baixo. **Bragantia**, v.66, p.267-275, 2007.

HALLAUER, A.R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plants breeding: lessons from maize. **Crop Science**, v.47, p.04-19, 2007.

HARVILLE, D. A.; CARRIQUIRY, A.L. Classical and Bayesian prediction as applied to unbalanced mixed linear models. **Biometrics**, v. 48, p.987-1003, 1992.

JUHÁSZ, A.C.P.; MORAIS, D.L.B.; SOARES, B.O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H.O.; RESENDE, M.D.V.de. Parâmetros genéticos e ganho de seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.30, p.25-35, 2010.

MARTINEZ, H.E.P.; AUGUSTO, H.S.; CRUZ, C.D.; PEDROSA, A.W.; SAMPAIO, N.F. Crescimento vegetativo de cultivares de café (*Coffea arabica* L.) e sua correlação com a produção em espaçamentos adensados. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.29, p.481-489, 2007.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analyses**. New York. John Wiley & Sons, 1981, 504p.

OPENSHAW, K.A review of *Jatropha curcas*: an oil plant of unfulfilled promise. **Biomass & Bioenergy**, v.19, p.1-15, 2000.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrics**, v.58, p.545-554, 1971.

RAO, G.R.; KORWAR, G.R.; SHANKER, A.K.; RAMAKRISHNA, Y.S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees**, v. 22, p. 697-709, 2008.

RESENDE, M.D.V.de. **Análise Estatística de Modelos Mistos via REML/BLUP na Experimentação em Melhoramento de Plantas Perenes**. Colombo, Embrapa Florestas, 2000. 101p.

RESENDE, M.D.V.de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002, 975p.

RESENDE, M.D.V.de. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo, Embrapa Florestas, 2004. 57p.

RESENDE, M.D.V.de. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Campo Grande, Embrapa Gado de Corte, 2006, 305p.

RESENDE, M.D.V.de.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

SANTOS, J.B.; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Prática**, v.103, p.265-272, 1986.

SATURNINO, H.M.; PACHECO, D.D.; KAKIDA, J.; TOMINAGA, N.; GONÇALVES, N.P. Cultura do Pinhão manso ( *Jatropha curcas* L.). Produção de oleaginosas para biodiesel. **Informe Agropecuário**, v.26, p.44-74, 2005.

SPINELLI, V.M.; ROCHA, R.B.; RAMALHO, A.R.; MARCOLAN, A.L.; VIEIRA JUNIOR, J.R.; FERNANDES, C.F.; MILITÃO, J.S.L.T.; DIAS, L.A.S. Componentes primários e secundários do rendimento de óleo de pinhão-manso. **Ciência Rural**, v.40, p.1752-1758, 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto. Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.



## CAPÍTULO 4

### TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA ANÁLISE DE DISSIMILARIDADE EM PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.)<sup>4</sup>

---

<sup>4</sup>Artigo submetido ao comitê editorial do periódico científico Biomass & Bioenergy

## **TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA ANÁLISE DE DISSIMILARIDADE EM PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.)**

Autor: Bruno Portela Brasileiro

Orientadora: Simone Alves Silva

Co-orientador: Deoclides Ricardo de Souza

**RESUMO:** O processo de avaliação e caracterização tem aplicação estratégica na valoração dos recursos genéticos, sendo que ferramentas poderosas têm surgido e contribuído para a classificação e conservação de germoplasma. Este trabalho teve como objetivo avaliar a aplicação de métodos hierárquicos, de otimização e de dispersão gráfica a partir das médias genotípicas obtidas via REML/BLUP na estimativa da divergência genética entre 20 famílias de meios irmãos de pinhão-manso. O número ótimo de grupos foi determinado como sendo igual a 4 de acordo com a abordagem Ward-MLM. A utilização das análises de Tocher e UPGMA a partir da matriz de distância de Mahalanobis formaram 6 grupos, enquanto que na técnica de componentes principais foi possível visualizar a formação de 4 grupos, coincidindo com a estratégia Ward-MLM. As variáveis que mais contribuíram para a divergência foram o número de cacho (NC), número de fruto (NF), número de semente (NS) e estatura de planta (EP), demonstrando a importância destes caracteres para estudos de diversidade genética. Houve diferenças entre as análises utilizadas com relação ao número de grupos formados e na distribuição dos indivíduos entre os grupos. A estratégia Ward-MLM permitiu a formação de agrupamentos mais compactos e com maior heterogeneidade entre grupos.

**Palavras-chave:** Análise de Agrupamento, Modified Location Model e Recursos Genéticos.

## **MULTIVARIATE TECHNIQUES IN THE ANALYSIS OF DISSIMILARITY IN PHYSIC NUT (*Jatropha curcas* L.)**

Author: Bruno Portela Brasileiro

Aadvisor: Simone Alves Silva

Co-advisor: Deoclides Ricardo de Souza

The process of evaluation and characterization has strategic application in the valuation of genetic resources, and powerful tools have emerged and contributed to the classification and conservation of germplasm. This study aimed to estimate the genetic divergence among 20 half sib families of *Jatropha curcas* by hierarchical methods, optimization and graphic dispersion from the average genotype obtained via REML/BLUP. The optimal number of groups was determined to be equal to 4 according to the Ward-MLM strategy. The use of analysis of Tocher and UPGMA from the matrix of Mahalanobis distance formed 6 groups, while the technique of principal components was possible to visualize the formation of 4 groups, coinciding with the Ward-MLM strategy. The variables that contributed most to the divergence were the number of clusters (NC), number of fruit (NF), number of seed (NS) and plant height (EP), demonstrating the importance of these characters for studies of genetic diversity. There were differences between the analysis used in relation to the number of groups formed and the distribution of individuals among groups. The Ward-MLM strategy allowed the formation of clusters more compact and with more heterogeneity between groups.

Keywords: Cluster Analysis, Modified Location Model and Genetic Resources.

## INTRODUÇÃO

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) vem sendo considerado uma opção agrícola em regiões tropicais e vem se destacando como planta oleaginosa viável para a obtenção do biodiesel (Arruda, 2004). Segundo Openshaw (2000) a produção de sementes pode atingir 12 toneladas por hectare e se estender por mais de 30 anos. Trata-se de uma planta perene de porte arbustivo, rústica, de manejo simples, com alto teor de óleo nas sementes. Seu cultivo também permite o consórcio com espécies como o feijão, amendoim, gergelim e gramíneas forrageiras (Dias et al., 2008).

Recentemente, diferentes programas de melhoramento do pinhão-manso foram implantados no Brasil, com a realização inicial de avaliações na fase juvenil em famílias de meios irmãos (Abreu et al., 2009; Carvalho, 2010; Juhász et al., 2010).

Assim como a avaliação, o processo de caracterização da coleção de germoplasma tem uma aplicação estratégica na valoração dos recursos genéticos, além de proporcionarem dados básicos que são necessários aos programas de melhoramento (Castellen et al., 2007).

Os avanços nas áreas de tecnologia computacional, taxonomia numérica e métodos de estatística multivariada, tem contribuído para a conservação de recursos genéticos e formação de coleções nucleares (Ortiz et al., 2008), possibilitando análises de diversidade genética e identificação de possíveis duplicatas, além de fornecerem parâmetros para escolha de progenitores que possibilitam maior efeito heterótico na progênie, aumentando as chances de obtenção de genótipos transgressivos em gerações segregantes.

A utilização da análise multivariada permite combinar múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo a facilitar a execução da seleção, possibilitando discriminar as populações mais promissoras (Cruz & Carneiro, 2006).

Em estudos de diversidade genética a variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações são analisados por um método específico ou por uma combinação de métodos (Mohammadi & Prasanna, 2003). Várias análises biométricas podem ser utilizadas, como a análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (Sudré et al., 2005). A escolha do

método depende da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos.

As diferentes estratégias de agrupamento se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definição da proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado, ou entre dois grupos quaisquer (Vasconcelos et al., 2007).

O melhor método de classificação numérica é aquele que define os grupos mais compactos e bem separados, ou seja, com mínima variação dentro dos grupos e máxima variação entre grupos (Crossa & Franco, 2004).

Franco et al. (1998) propuseram o procedimento *Modified Location Model* (MLM), como substituição ao procedimento *Location Model* proposto por Lawrence e Krzanowski (1996). O procedimento, designado *Location Model* (LM), classifica  $n$  indivíduos quando  $p$  variáveis quantitativas e  $q$  variáveis qualitativas são obtidas em um ambiente, assumindo que  $m$  níveis da variável  $W$  e variáveis  $p$ -multinormais para cada sub-população são independentes.

A estratégia Ward-MLM inclui duas etapas; na primeira, os grupos são definidos usando o método de agrupamento da mínima variância entre grupos proposto por Ward (1963) a partir da matriz de distância de Gower (Gower, 1971). Na segunda etapa, aplica-se o procedimento MLM, que estima a média do vetor das variáveis quantitativas para cada sub-população independente dos valores  $W$  (Franco & Crossa, 2002).

Este método possui como vantagens a otimização de duas funções objetivas relacionadas nas duas etapas do processo, sendo na primeira fase a soma de quadrados dentro dos grupos e na segunda etapa a função de verossimilhança das observações. Além disso, permite a definição do número ótimo de grupos e o cálculo de uma média dos grupos com alta precisão, fazendo uso de toda a informação disponível sobre os acessos, sejam elas variáveis quantitativas ou qualitativas (Crossa & Franco, 2004).

Este trabalho teve por objetivo estimar a divergência genética entre famílias de meios irmãos de pinhão-manso por meio de métodos hierárquicos, de otimização e de dispersão gráfica.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 20 famílias de meios irmãos de pinhão-manso no teste de progênie, sendo 17 famílias oriundas da estação experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA) localizada em Alagoinhas-BA e 3 famílias da EBDA de Irará-BA.

O teste de progênie foi implantado em maio de 2008, em uma área de 0,86 ha de Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico pertencente ao Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Campus de Cruz das Almas-BA, Brasil.

O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é caracterizado por uma zona de transição entre as zonas Am (clima quente e úmido com pequena estação seca) e Aw (clima quente e úmido com chuvas de verão). A precipitação pluviométrica média anual é de 1,22 mm, temperatura média anual de 24°C e umidade relativa do ar de 80%.

O experimento foi instalado no delineamento em blocos casualizados (DBC) com 20 tratamentos, 4 repetições e 10 plantas por parcela, totalizando 800 planta. Adotou-se o espaçamento de 3 m entre plantas e 5 m entre linhas e obedeceu-se uma sistemática de plantio direto (pé franco) em covas 30 x 30 x 30 cm, com adubação de plantio composta por esterco bovino curtido (2 Kg/cova), com uma adubação de cobertura aos 90 e 120 dias com 20 gramas NPK 10.10.10 por planta.

Foram avaliados os caracteres estatura de planta (EP), diâmetro do caule (DC), número de ramificações primárias (RP) e secundárias (RS), número de cachos (NC), frutos (NF) e sementes (NS) e sobrevivência de plantas (SB) aos 24 meses após o plantio.

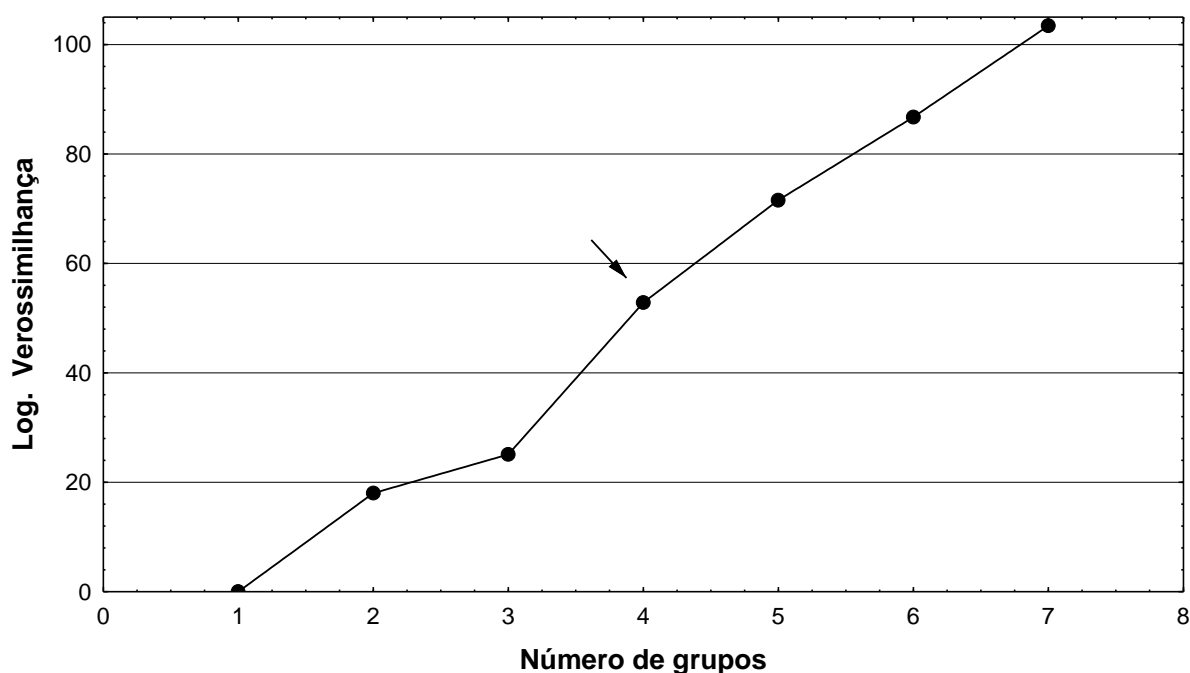
A partir da matriz de distância de Mahalanobis gerada com as medias obtidas via REML/BLUP foram realizados agrupamentos pelo método hierárquico da distância média (UPGMA) e de otimização (Tocher) com o uso do software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2006).

As médias foram estimadas via modelo misto (REML/BLUP), e neste caso a análise de componentes principais pode ser aplicada, pois a matriz de dispersão residual é considerada nas estimativas das médias genotípicas preditas (Resende, 2006).

O agrupamento pelo método Ward-MLM foi realizado com a utilização do software SAS versão 9.1.3 (SAS, 2007).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

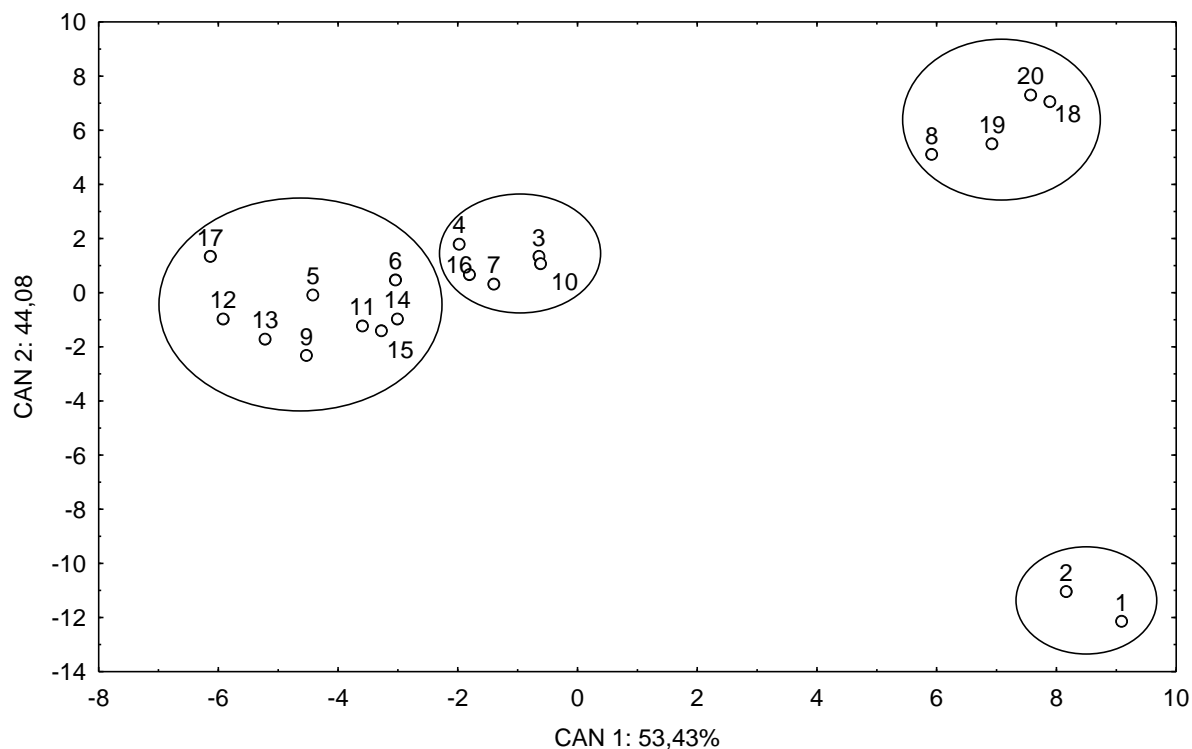
Os critérios pseudo- $t^2$  e pseudo-F, definiram o número ótimo de grupos como sendo igual a 4, assim como o perfil de verossimilhança, associado com o teste da razão de verossimilhança, que demonstrou um maior aumento da função de verossimilhança no grupo 4 (27,74) (Figura 1).



**Figura 1** - Função logarítmica de probabilidade demonstrando o número ideal de grupos.

A função logarítmica de verossimilhança define o número de grupos de forma precisa, resultando em agrupamentos menos subjetivos (Gonçalves et al., 2009).

A duas primeiras variáveis canônicas obtidas pela metodologia Ward-MLM explicaram 97,51% da variação observada, sendo possível compreender de maneira satisfatória a variabilidade genética entre os acessos avaliados e a relação entre os grupos e os genótipos dentro dos grupos (Figura 2).



**Figura 2** - Distribuição das duas primeiras variáveis canônicas demonstrando a formação de 4 grupos pela estratégia Ward-MLM.

Com base na distância de Mahalanobis, os grupos 1 e 4 são os mais próximos, apresentando distância de 4,44. O maior valor para distância foi de 34,98 entre os grupos 1 e 2 (Tabela 1).

**Tabela 1** - Separação dos grupos pela estratégia Ward-MLM, baseado na distância de Mahalanobis.

Grupos	G1	G2	G3	G4
G1	-	34,98	32,91	4,44
G2	34,98	-	30,07	16,14
G3	32,91	30,07	-	26,25
G4	4,44	16,14	26,25	-

As médias para os caracteres avaliados, dentro de cada grupo obtido a partir do método Ward-MLM são apresentadas na Tabela 2. Os grupos 2 e 4



apresentaram maiores médias para caracteres de produção: número de cacho (NC), número de fruto (NF) e número de semente (NS) e para os caracteres vegetativos: ramificações secundárias (RS) e estatura de planta (EP).

**Tabela 2** - Média das variáveis para os quatro grupos formados pela estratégia Ward-MLM e a contribuição dos caracteres para a primeira (CAN1) e segunda variável canônica (CAN2).

Variável*	G1	G2	G3	G4	CAN1**	CAN2
NC	0,17	1,08	0,36	0,40	0,78	0,61
NF	0,65	3,68	1,00	1,65	0,71	0,67
NS	2,01	6,47	2,54	3,72	0,68	0,66
RP	3,37	3,34	3,45	3,36	0,02	-0,23
RS	7,12	7,64	7,28	7,41	0,64	0,49
DC	6,30	6,44	6,52	6,35	0,92	-0,19
EP	87,9	119,0	91,8	97,0	0,67	0,61
SB	92,0	87,0	90,0	90,0	-0,47	-0,30

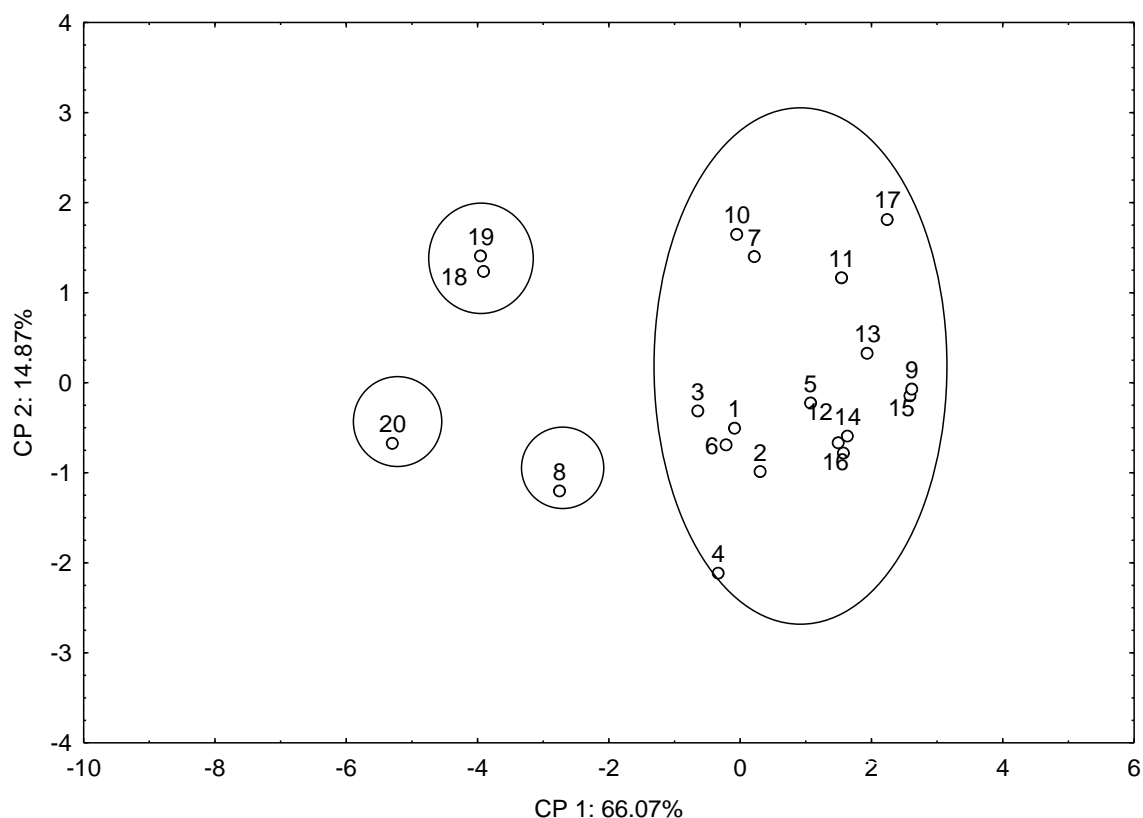
NC = número de cacho, NF = número de fruto, NS = número de semente, RP = ramos primários, RS = ramos secundários, DC = diâmetro do caule (mm), EP = estatura de planta (cm) e SB = sobrevivência (%). \*\* correlação entre as variáveis e os dois primeiros componentes principais.

No gráfico gerado a partir dos dois primeiros componentes principais que acumularam 80,94%, foi possível visualizar a presença de 4 grupos (Figura 3). Embora as técnicas que possibilitaram a dispersão gráfica dos acessos tenham formado o mesmo número de grupos, as mesmas apresentam discordância com relação aos grupos formados. Na estratégia Ward-MLM os grupos foram mais compactos e numerosos, com os genótipos 8, 18, 19 e 20 formando 1 grupo enquanto que na análise de componentes principais os mesmos genótipos formaram 3 grupos (Figuras 2 e 3).

Os caracteres avaliados apresentaram elevada contribuição para a divergência genética baseado na correlação com as duas primeiras variáveis canônicas e com os dois primeiros componentes principais. As melhores correlações foram das variáveis, número de cacho (NC), número de fruto (NF), número de

semente (NS) e estatura de planta (EP), demonstrando a importância destes caracteres para estudos de diversidade (Tabela 2).

A utilização da média da matriz de distância de Mahalanobis separou os acessos em seis grupos, pelo agrupamento UPGMA (Figura 4) o que também foi obtido pelo método de otimização de Tocher (Tabela 3), havendo total coincidência com relação aos grupos formados nas duas metodologias.



**Figura 3** - Dispersão gráfica dos escores de 20 genótipos utilizando a análise de componentes principais (PCA).

Nos métodos UPGMA, Tocher e Ward-MLM os acessos 1 e 2 deram origem ao mesmo grupo, o que não foi possível visualizar na análise de componentes principais. Os genótipos 18, 19, 20 e 8 foram agrupados juntos somente na estratégia Ward-MLM e apresentaram as maiores médias para os caracteres vegetativos e de produção, enquanto que as menores médias foram dos genótipos 17, 12, 13 e 9 pertencentes ao mesmo grupo em todas as análises (Tabela 3).

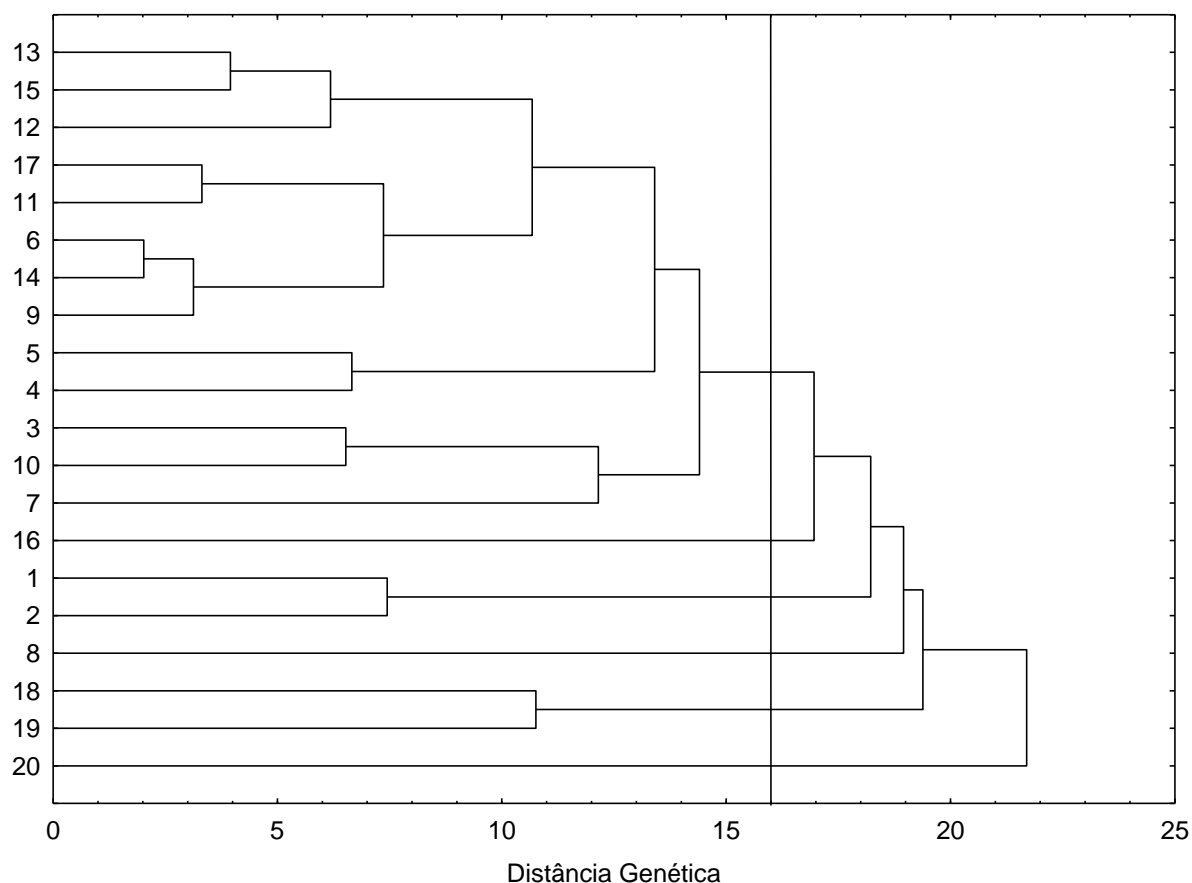
Estes fatos exemplificam a importância da utilização de diferentes procedimentos estatísticos com a finalidade de obter um melhor entendimento da

variabilidade e da relação entre os acessos presentes nas coleções de trabalho e nos bancos de germoplasma. Além disso, a formação de grupos representa valiosa informação na escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento genético, pois as novas populações híbridas a serem estabelecidas devem ser embasadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial “*per se*” dos genitores (Bertan et al., 2006).

**Tabela 3** - Distribuição dos genótipos de pinhão-manso em grupos estabelecidos pelo método de Tocher e as médias genotípicas estimadas via máxima verossimilhança restrita (REML/BLUP).

Grupo	Acesso	NC*	NF	NS	RP	RS	DC	EP	SB
I	13	0,05	0,26	1,40	3,36	7,13	6,33	90,40	90,00
I	17	0,15	0,45	1,63	3,14	7,06	6,26	86,22	91,00
I	5	0,22	1,24	2,65	3,40	7,24	6,30	93,41	91,00
I	11	0,20	0,81	2,42	3,17	7,13	6,32	89,78	93,00
I	12	0,05	0,21	1,26	3,51	6,96	6,28	83,75	89,00
I	3	0,40	1,62	3,73	3,43	7,59	6,35	95,93	87,00
I	6	0,30	0,93	2,72	3,45	7,15	6,30	87,99	83,00
I	4	0,45	2,05	4,43	3,61	7,42	6,34	100,28	93,00
I	9	0,12	0,42	1,60	3,36	7,01	6,29	84,57	94,00
I	10	0,40	1,53	3,32	3,22	7,29	6,33	92,96	86,00
I	15	0,17	0,57	1,85	3,51	7,24	6,32	88,43	90,00
I	14	0,25	0,93	2,59	3,44	7,15	6,30	86,75	93,00
I	7	0,37	1,53	3,63	3,18	7,15	6,36	96,91	90,00
II	1	0,35	0,90	2,47	3,40	7,29	6,55	95,22	90,00
II	2	0,37	1,09	2,61	3,49	7,27	6,48	88,42	90,00
III	18	1,13	3,58	5,92	3,28	7,58	6,41	116,34	84,00
III	19	1,06	3,75	5,51	3,28	7,44	6,44	125,39	84,00
IV	20	1,18	4,25	7,81	3,35	7,78	6,51	132,85	90,00
V	8	0,96	3,15	6,62	3,43	7,74	6,38	102,61	91,00
VI	16	0,37	1,50	3,47	3,37	7,62	6,35	98,94	93,00
<b>Média Geral</b>		0,43	1,54	3,38	3,37	7,31	6,36	96,86	89,60
<b>Variância</b>		0,13	1,47	3,33	0,02	0,06	0,01	179,98	10,46

\*NC = número de cacho, NF = número de fruto, NS = número de semente, RP = ramos primários, RS = ramos secundários, DC = diâmetro do caule (mm), EP = estatura de planta (cm) e SB = sobrevivência (%).



**Figura 4** - Dendrograma da dissimilaridade genética entre acessos de Pinhão-manso, resultante da análise de conglomeração obtida a partir da matriz de distância de Mahalanobis (Cruz das Almas, BA).

Foi possível observar diferenças no número de indivíduos por grupo, no número de grupos formados e na distribuição dos indivíduos nos grupos, sendo que o método Ward-MLM permitiu a formação de agrupamentos mais compactos e com maior heterogeneidade entre grupos, o que também foi obtido por Padilla et al. (2005) na avaliação de 120 variedades locais de *Brassica rapa* subsp. *rapa* L., por Ortiz et al. (2008) em 50 acessos de 8 raças de milho e por Sudré et al. (2010) avaliando 56 acessos de *Capsicum* ssp.

## CONCLUSÃO

A análise utilizada pode interferir nas decisões tomadas pelo pesquisador, entretanto, a utilização de diferentes ferramentas permite um melhor entendimento das relações entre os genótipos e os grupos formados.

A estratégia de análise baseada no procedimento Ward-MLM possibilitou um adequado agrupamento dos acessos de *Jatropha curcas*, permitindo uma melhor classificação dos genótipos avaliados.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F.B.; RESENDE, M.D.V.de.; ANSELMO, J.L.; SATURNINO, H.M.; BRENHA, J.A.M.; FREITAS, F.B. de. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansão na fase juvenil. **Magistra**, v.21, p.36-40, 2009.

ARRUDA, F.P.de.; BELTRÃO, N.E.de. M.; ANDRADE, A.P.de.; PEREIRA, W. E.; SEVERINO, L.S. Cultivo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) como alternativa para o semiárido nordestino. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v.8, p.789-799, 2004.

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

CARVALHO, D.S. **Comportamento genético de progênies de meios irmãos de pinhão manso no recôncavo baiano, Brasil**. 2010. 41f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2010.

CASTELLEN, M.S.; LEDO, C.A.S.; OLIVEIRA, E.J.; MONTEIRO FILHO, L.S.; DANTAS, J.L.L. Caracterização de acessos do banco ativo de germoplasma de mamão por meio de análise multivariada. **Magistra**, v. 19, p. 299-303, 2007.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, v.137, p.19-37, 2004.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. v.2, 585p.

DIAS L.A.S.; MULLER, M.; FREIRE, E. Potencial do uso de oleaginosas arbóreas em sistemas silvipastoris. In: FERNANDES, E.M.; PACIULLO, D.S.C.; CASTRO, C.R.T.; MULLER, M.D.; ARCURI, P.B.; CARNEIRO, J.C. (Org.). **Sistemas Agrossilvipastoris na América do Sul: desafios e potencialidades**. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, p.283-314, 2008.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASENÖR, J.; TABA, S.; EBERHART, S.A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, v.38, p.1688-1696, 1998.

FRANCO, J.; CROSSA, J. The Modified Location Model for classifying genetic resources: I. Association between categorical and continuous variables. **Crop Science**, v.42, p.1719-1726, 2002.

GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C.P.; Heirloom tomato genebank: assessing divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-MLM. **Genetic and Molecular Research**, v.8, p.364-374, 2009.

GOWER, J.C. General coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, p.857-874, 1971.

JUHÁSZ, A.C.P.; MORAIS, D.L.B.; SOARES, B.O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H.O.; RESENDE, M.D.V.de. Parâmetros genéticos e ganhos de seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v.30, p.25-35, 2010.

LAWRENCE, C.J.; KRZANOWSKI, W.J. Mixture separation for mixed-mode data. **Statistic Computational**, v.6, p.85-92, 1996.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v.43, p.1235-1248, 2003.

OPENSHAW, K. A review of *Jatropha curcas*: an oil plant of unfulfilled promise. **Biomass & Bioenergy**, v.19, p.1-15, 2000.

ORTIZ, R.; CROSSA J.; FRANCO, J.; SEVILLA, R. Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. **Genetic Resource and Crop Evolution**, v.55, 151-162, 2008.

PADILLA, G.; CARTEA, M.E.; RODRIGUEZ, V.M.; ORDÁS, A. Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* subsp *rapa* L. from northwestern Spain. **Euphytica**, v.145: 171-180, 2005.

RESENDE, M.D.V.de. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Campo Grande, Embrapa, 2006, 305p.

SAS Institute Inc. (2007). **SAS<sup>®</sup> 9.1.3 (TS1M3) for Windows Microsoft**. Cary, NC, SAS Institute Inc.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.22-27, 2005.

SUDRÉ, C.P.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.do.; RIVA-SOUZA, E.M. ; BENTO, C.S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.283-294, 2010.

VASCONCELOS, E.S.de.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1421-1428, 2007.

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236-244, 1963.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Durante as coletas foi possível localizar centenas de plantas, principalmente na região da Chapada Diamantina, onde a propagação do pinhão-manso ocorre com frequência e o número de plantas amostradas foi satisfatório tendo em vista a quantidade de expedições realizadas.

Novas expedições de coleta, assim como o intercâmbio de material vegetal com diferentes instituições devem ser realizados, pois, um trabalho multidisciplinar e em rede, envolvendo diferentes grupos de pesquisa contribuirá enormemente para os programas de melhoramento e conservação genética do pinhão-manso, podendo ampliar a base genética da espécie e diminuir as principais dificuldades relacionadas ao melhoramento genético de plantas perenes.

O conhecimento do número de sementes a ser coletado por planta é fundamental para o sucesso das etapas de amostragem, propagação e multiplicação dos acessos e no presente estudo foi possível verificar que 60 sementes foram suficientes para a propagação dos 27 acessos avaliados, mesmo havendo ampla variabilidade para germinação de sementes.

A continuidade dos processos de avaliação e caracterização das progênes introduzidas permitirá um melhor entendimento da estrutura genética da população inicial de melhoramento e conservação. Pois, a avaliação por anos consecutivos e a aplicação da análise de repetibilidade via REML/BLUP associado a possibilidade de genotipagem e a implementação de uma abordagem baseada na seleção genômica ampla (GWS) possibilitará a predição dos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos aumentando a eficiência do processo de seleção.



**ANEXO:**

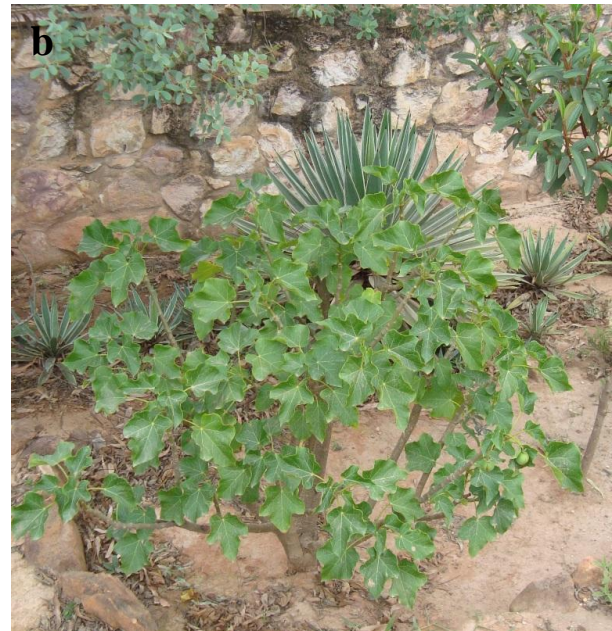


**Figura 1** - (a) Cerca viva de pinhão-manso no povoado de Conceição dos Gatos ( $12^{\circ}32.389'S/41^{\circ}31.412'W$ ) e (b) no povoado do Pau Ferro ( $12^{\circ}31.747'S/41^{\circ}34.100'W$ ), município de Palmeiras-BA.





**Figura 2** - Planta de pinhão-manso utilizada na produção de sabão, estrada para Gruta da Pratinha ( $12^{\circ}20.570'S/41^{\circ}35.644'W$ ) no município de Iraquara-BA.



**Figura 3** – (a e b) Plantas de pinhão-manso utilizadas na ornamentação de jardins no Vale do Capão ( $12^{\circ}34.716'S/41^{\circ}30.777'W$ ) município de Palmeiras-BA.





**Figura 4** – (a e b) Plantação comercial de pinhão-mansô no município de Cafarnaum-BA (11°34.926'S/41°24.480'W).