

**RICARDO GALVÃO DE FREITAS**

**CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE PINHÃO MANSO (*Jatropha curcas*  
L.) POR DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para a obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2010

**RICARDO GALVÃO DE FREITAS**

**CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE PINHÃO MANSO (*Jatropha curcas* L.) POR DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

**APROVADA:** 20 de julho de 2010.

---

**Prof. Robson Fernando Missio  
(Co-orientador)**

---

**Prof. João Carlos Cardoso Galvão**

---

**Prof. Edésio Fialho dos Reis**

---

**Dra. Lucimar Rodrigues de Oliveira**

---

**Prof. Mauro Nacif Rocha  
(Orientador)**

A Deus,

A toda minha família, em especial

aos meus pais Rui de Paula Freitas e Maria Luisa Galvão Freitas,  
a meus irmãos Janaína Galvão de Freitas e Rodrigo Galvão de Freitas,  
e a minha noiva Thaís Furtado Mendes.

**Dedico.**

## AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar a Deus, por estar sempre ao meu lado e pelas bênçãos e graças derramadas sobre mim, e por mais uma etapa vencida.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente ao Departamento de Fitotecnia, pela oportunidade da realização deste aperfeiçoamento.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Luiz Antônio dos Santos Dias, por ter sido mais que um orientador, antes um amigo.

Ao professor e amigo Robson Fernando Missio pelos conselhos, sugestões, e ensinamentos.

Ao professor Marcos Deon Vilela de Resende pela ajuda nas análises estatísticas.

A todos da equipe *Jatropha* que contribuíram para a realização deste trabalho, em especial aos amigos Fábio dos Santos Matos, Anderson Barbosa Evaristo e Djair Felix da Silva.

A todos os funcionários do Vale da Agronomia e do Campo Experimental da UFV em Araponga, pela amizade e ajuda na condução do experimento que proporcionou a elaboração deste trabalho.

Agradeço aos membros da banca de defesa da dissertação, pela participação nesta importante conquista.

Agradeço aos amigos da república Grozop, pela amizade e respeito conquistado no decorrer de toda minha vida acadêmica. Vocês não são apenas amigos e sim parte de uma família.

Um agradecimento especial a minha família e a minha noiva pela paciência, amor, amizade, colaboração e apoio no decorrer desses anos.

Enfim, o meu reconhecimento e a minha gratidão a todos aqueles que, de alguma forma, auxiliaram na realização deste trabalho.

## SUMÁRIO

<b>LISTA DE TABELAS</b> .....	vi
<b>LISTA DE FIGURAS</b> .....	ix
<b>RESUMO</b> .....	x
<b>ABSTRACT</b> .....	xii
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVO</b> .....	3
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	3
<b>3.1. Biocombustíveis</b> .....	3
<b>3.2. Biodiesel no Brasil</b> .....	4
<b>3.2.1. Importância Econômica</b> .....	6
<b>3.3. Espécies Vegetais com Potencial para Produção de Biodiesel</b> .....	7
<b>3.4. Pinhão Manso</b> .....	8
<b>3.4.1. Matéria Prima Alternativa para a Produção de Biocombustível</b> .....	8
<b>3.4.2. Centro de Origem</b> .....	11
<b>3.4.3. Descrição Botânica</b> .....	11
<b>3.4.4. Variabilidade</b> .....	14
<b>3.5. Descritores</b> .....	15
<b>3.6. Banco de Germoplasma</b> .....	17
<b>3.7. Divergência Genética por Análises Multivariadas</b> .....	18
<b>3.7.1 Análise de Agrupamento</b> .....	19
<b>3.7.2. Análise de Variáveis Canônicas</b> .....	21
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	22
<b>4.1. Material Vegetal e Avaliações</b> .....	22
<b>4.2. Análises Estatísticas e Estimativas de Parâmetros Genéticos</b> .....	25

<b>5. RESULTADOS</b> .....	26
<b>5.1. Descritores de Sementes</b> .....	26
<b>5.2. Avaliação aos Oito Meses de Campo</b> .....	27
<b>5.2.1. Análise Descritiva</b> .....	27
<b>5.2.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos</b> .....	28
<b>5.2.3. Correlação Genotípica</b> .....	29
<b>5.2.4. Agrupamento</b> .....	30
<b>5.2.4. Variáveis Canônicas</b> .....	32
<b>5.2.5. Importância Relativa de Descritores</b> .....	33
<b>5.3. Avaliação aos 14 Meses de Campo</b> .....	35
<b>5.3.1. Análise Descritiva</b> .....	35
<b>5.3.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos</b> .....	36
<b>5.3.3. Correlação Genotípica</b> .....	37
<b>5.3.4. Agrupamento</b> .....	38
<b>5.3.5. Variáveis Canônicas</b> .....	40
<b>5.3.6. Importância Relativa de Descritores</b> .....	41
<b>5.4. Precocidade</b> .....	43
<b>6. DISCUSSÃO</b> .....	44
<b>7. CONCLUSÃO</b> .....	52
<b>8. REFERÊNCIAS</b> .....	54

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Descrição dos 78 acessos de *J. curcas*. ..... 24
- Tabela 2.** Estatística descritiva para teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes e razão CS/LS, avaliados nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas*. ..... 26
- Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos para os descritores teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes, e a razão CS/LS avaliados nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas*. ... 27
- Tabela 4.** Estatística descritiva dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*. ..... 28
- Tabela 5.** Estimativas de parâmetros genéticos dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*. ..... 29
- Tabela 6.** Correlação genética entre os descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos acessos e os descritores de semente teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura de sementes (LS), e razão CS/LS avaliados nas matrizes dos acessos de *J. curcas*. ..... 30
- Tabela 7.** Agrupamento dos 78 acessos de *J. curcas* pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis, em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos oito meses de campo. .... 31

<b>Tabela 8.</b> Média das distâncias intra e intergrupos formados pelo método de otimização de Tocher, para 78 acessos de <i>J. curcas</i> avaliados por nove descritores, aos oito meses de campo. ....	31
<b>Tabela 9.</b> Contribuição relativa dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) para a divergência dos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , aos oito meses de campo utilizando a metodologia proposta por SINGH (1981) baseado na distância $D^2$ de Mahalanobis. ....	34
<b>Tabela 10.</b> Estimativas dos autovalores associados às variáveis canônicas referente aos nove descritores morfo-agronômicos avaliados nos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , aos oito meses de campo. ....	35
<b>Tabela 11.</b> Estimativas dos autovetores associados às variáveis canônicas nos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP), avaliados nos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , aos oito meses de campo. ....	35
<b>Tabela 12.</b> Estatística descritiva dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de <i>J. curcas</i> . ....	36
<b>Tabela 13.</b> Estimativas de parâmetros genéticos dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de <i>J. curcas</i> . ....	37



- Tabela 14.** Correlação genética entre os descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos acessos e os descritores de semente teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes, e razão CS/LS avaliados nas matrizes dos acessos de *J. curcas*. ..... 38
- Tabela 15.** Agrupamento dos 78 acessos de *J. curcas*, pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz de distância genéticas de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos 14 meses de campo. .... 39
- Tabela 16.** Média das distâncias intra e intergrupos formados pelo método de otimização de Tocher, para 78 acessos de *J. curcas* avaliados por nove descritores, aos 14 meses de campo. .... 39
- Tabela 17.** Contribuição relativa dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) para a divergência dos 78 acessos de *J. curcas*, aos 14 meses de campo utilizando a metodologia proposta por SINGH (1981) baseado na distância  $D^2$  de Mahalanobis. .... 42
- Tabela 18.** Estimativas dos autovalores associados às variáveis canônicas, referentes aos nove descritores morfo-agronômicos avaliados nos 78 acessos de *J. curcas* L., aos 14 meses de campo. .... 43
- Tabela 19.** Estimativas dos autovetores associados às variáveis canônicas nos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP), avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*, aos 14 meses de campo. .... 43

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Matérias-primas utilizadas para produção de biodiesel. ....	1
<b>Figura 2.</b> Árvore de pinhão manso ( <i>Jatropha curcas</i> L.). ....	12
<b>Figura 3.</b> Folhas de pinhão manso ( <i>Jatropha curcas</i> L.). ....	12
<b>Figura 4.</b> Inflorescência de pinhão manso ( <i>Jatropha curcas</i> L.). ....	13
<b>Figura 5.</b> Frutos de pinhão manso ( <i>Jatropha curcas</i> L.). ....	13
<b>Figura 6.</b> Sementes de pinhão manso ( <i>Jatropha curcas</i> L.). ....	14
<b>Figura 7.</b> Dendrograma de UPGMA a partir matriz da distância de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados em 78 acessos de <i>J. curcas</i> aos oito meses de campo. ....	32
<b>Figura 8.</b> Plano formado pelas variáveis canônicas 1 e 2 representando a distribuição dos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos oito meses de campo. ....	33
<b>Figura 9.</b> Dendrograma de UPGMA a partir matriz da distância de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados nos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , aos 14 meses de campo. ....	40
<b>Figura 10.</b> Plano formado pelas variáveis canônicas 1 e 2 representando a distribuição dos 78 acessos de <i>J. curcas</i> , em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos 14 meses de campo. ....	41

## RESUMO

FREITAS, Ricardo Galvão de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2010. **Caracterização de germoplasma de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) por descritores morfo-agronômicos.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Co-orientadores: Marcos Deon Vilela de Resende e Robson Fernando Missio.

Pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie altamente promissora para produção de biodiesel. Seus descritores são desconhecidos e a avaliação da sua variabilidade genética ainda não foi feita. Este é o primeiro estudo da variabilidade genética em acessos de *J. curcas* e teve como objetivo iniciar a definição dos descritores morfo-agronômicos da fase juvenil, avaliar a variabilidade e estimar parâmetros genéticos em progênies e suas matrizes. O banco de germoplasma (BAG) de *J. curcas* da UFV contém 75 acessos do Brasil e três do Camboja. As avaliações foram realizadas aos oito e aos 14 meses de campo. Os descritores morfo-agronômicos avaliados nas progênies foram altura da planta (ALT) e da ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), número de ramos (NR), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP). Os descritores de sementes avaliados nas matrizes foram teor de óleo nas sementes (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura das sementes (LS) e razão CS/LS. As estimativas de parâmetros genéticos, a análise de correlação genotípica entre descritores e a distância de Mahalanobis, que quantificou a variabilidade genética, foram processadas nos *softwares* SELEGEN e SAS. Sobre esta matriz de distância foram aplicados os agrupamentos de Tocher e UPGMA. A divergência genética também foi avaliada por variáveis canônicas. A contribuição relativa dos descritores para a divergência foi avaliada com base na matriz de distâncias e na estimativa dos autovetores associados às últimas variáveis canônicas. Estas últimas análises foram processadas no *software* GENES. O teor médio de óleo nas sementes foi 31%, com uma variação de 16 a 45%. Nenhuma correlação genética foi encontrada entre descritores morfo-agronômicos e teor de óleo. Elevados coeficientes de variação genética foram encontrados para os descritores de semente (PS e Óleo) e para os morfo-agronômicos aos oito (ALTR, ALT, NR e DCL) e aos 14 meses de campo (ALTR e TP). Os maiores coeficientes de herdabilidades no sentido restrito foram encontrados, aos oito meses de campo, para CF, LF e DCL e, aos 14 meses de campo, para os descritores CF, TP e LF. O agrupamento de Tocher possibilitou, em ambas as épocas de avaliação, a separação dos acessos em três grupos distintos. O dendrograma por UPGMA possibilitou a separação dos acessos, aos oito e 14 meses de campo, em oito e 15 grupos distintos, respectivamente. A

análise de variáveis canônicas também evidenciou divergência entre acessos. As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 88,67 e 82,35% de toda variação, aos oito e 14 meses de campo, respectivamente, formando quatro grupos distintos em ambas as idades de avaliação. O próximo passo é a escolha dos grupos divergentes e dentro deles a identificação dos acessos mais interessantes ao melhorista. Assim a existência de diversidade genética no BAG foi comprovada e isso é importante para continuidade dos trabalhos de melhoramento genético, com o objetivo de obter cultivares de elevada produção de grãos e alta produtividade de óleo. Acessos com alto teor de óleo nas sementes foram agrupados separadamente, e o cruzamento entre estes deve ser explorado pelo programa. Para o registro de proteção de cultivares, os descritores que mais contribuíram para a divergência foram ALT e DCL, os demais variam em importância com o passar do tempo. Avaliações futuras envolvendo os mesmos descritores e outros relacionados ao ciclo reprodutivo (inflorescências) e produtivo (número de cachos, de frutos por cacho, de sementes por frutos e produção) podem ampliar ainda mais o conhecimento da espécie e permitir o avanço do seu melhoramento.

## ABSTRACT

FREITAS, Ricardo Galvão de , M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2010.  
**Characterization of germplasm of physic nut (*Jatropha curcas* L.) for morpho-agronomic descriptors.** Advisor: Luiz Antonio dos Santos Dias. Co-advisors: Marcos Deon Vilela de Resende and Robson Fernando Missio.

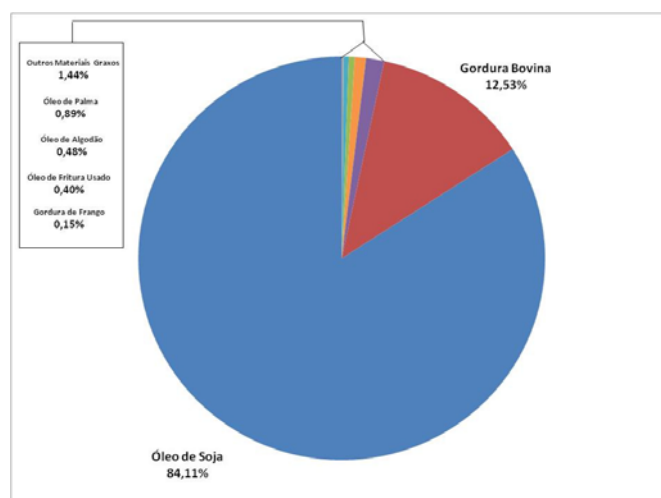
Physic nut (*Jatropha curcas* L.) is a highly promising species for biofuel production. Its descriptors are known and evaluation of its genetic variability has not been done yet. This is the first study on genetic variability in *J. curcas* accessions and its aim was to start the definition of morph-agronomical descriptors in juvenile phase, to evaluate the and to estimate genetic parameters in progenies and their matrix. Germplasm bank (GBA) of *J. curcas* at UFV contains 75 accessions from Brazil and three from Cambodia. Evaluations were done at eight and at 14 months of field. Morph-agronomical descriptors evaluated in progenies were plant height (PH) and height of branches (HEIB), crown diameter (CD) and diameter of stem (DS), number of branches (NB), length (LL) and width (WL) of the leaf, LL/WL ratio and petiole size (PS). Descriptors of seed evaluated in matrix were oil content in the seeds (OIL), weight of 100 seeds (WS), length and width of the seeds and LS/WS ratio. Estimates of genetic parameters, analysis of genotypic correlation among descriptors and Mahalanobis distance, which quantified genetic variability, were processed using *softwares* SELEGEN e SAS. On this distance matrix, it was applied Tocher and UPGMA clusters. Genetic divergence was also evaluated through canonical variables. The relative contribution from descriptors for divergence was evaluated based on matrix of distances and eigenvectors estimate associated to the later canonical variables. These last analyses were processed using *software* GENES. Average oil content in seeds was 31% ranging from 16 to 45%. It was found no genetic correlation among morph-agronomical descriptors and oil content. High coefficients of genetic variation were found for seed descriptors (PS and OIL) and for morph-agronomical at eight (HEIB, PH, NB and DS) and at 14 (HEIB and PS) months of field. The highest heritability coefficients in a strict sense were found, at eight months of field, for LL, WL and DS, and at 14 months of field, for descriptors LL, PS and WL. Tocher cluster made it possible, in both evaluation times, separation of accessions in three different groups. Dendogram by UPGMA was able to separate accesses, at eight and 14 months of field, in eight and 15 different groups, respectively. Analyses of canonical variable also evidenced divergence among accesses. The two first canonical variables explained 88.67 and 82.35% all variation, at eight and 14 months of field, respectively, forming four different groups for both

ages of evaluation. The next step is choosing divergent groups and within them the identification of the most interesting accesses for the breeder. Thus, the existence of genetic diversity in GBA was proven which is important for continuity of genetic breeding works aiming at obtaining cultivars with high production of grain and high productivity of oil. Accessions with high oil content in the seeds were separately grouped, and crossing among them must be explored by the program. For registration of cultivar protection, the descriptors that contributed at most for divergence were PH and DS, the others vary in importance over time. Future evaluations involving the same descriptors and other related to reproductive cycle (inflorescences) and productive cycle (number of bunches, number of fruit per bunch, number of seeds per fruit and production) can increase even more the knowledge on the species and permit the advance on its breeding.

## 1. INTRODUÇÃO

A demanda mundial por combustíveis limpos, renováveis e de produção sustentável para substituir ou complementar os combustíveis de origem fóssil fizeram dos biocombustíveis uma ótima alternativa. Atualmente existem diferentes tipos de biocombustíveis, destacando-se o etanol e o biodiesel.

O biodiesel, em particular, pode ser obtido de qualquer óleo vegetal ou gordura animal e sua produção apresenta forte componente social e vantagens econômicas e ambientais. De acordo com a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP 2010) o Brasil, desde janeiro de 2010, através do seu Programa Nacional de Produção e Uso do Biodiesel (PNPB), produz e comercializa o B5, representado pela mistura de 5% de biodiesel com 95% de óleo diesel. O País está entre os maiores produtores e consumidores de biodiesel do mundo, com uma produção anual, em 2009, de 1,6 bilhões de litros e uma capacidade instalada, em janeiro de 2010, de cerca de 4,7 bilhões de litros (ANP 2010). Em 2008, o uso do biodiesel no Brasil evitou a importação de 1,1 bilhão de litros de diesel de petróleo, resultando em uma economia de divisas de US\$ 976 milhões. Atualmente, o país possui uma capacidade nominal autorizada de 11759,83 m<sup>3</sup>/dia de óleos autorizados para comercialização de biodiesel (ANP 2010). As principais matérias-primas utilizadas para a produção do biodiesel no Brasil são soja, gordura bovina, óleo de palma e algodão, com contribuição de aproximadamente 84,11%, 12,53%, 0,89 e 0,48% respectivamente, sendo os outros materiais graxos responsáveis por 1,99% da produção (Figura 1). Existe a necessidade, portanto, de diversificar a produção de matéria prima para biodiesel por meio da introdução de espécies promissoras como *Jatropha curcas* L..



Fonte: ANP, Julho/2010

**Figura 1.** Matérias-primas utilizadas para produção de biodiesel.

O gênero *Jatropha* possui 170 espécies conhecidas (HELLER 1996), dentre elas *J. curcas*, conhecida como pinhão manso, espécie com elevado potencial para produção de biodiesel. *J. curcas* é uma euforbiácea arbustiva de crescimento rápido, podendo atingir até 12 m de altura (em condições naturais, cercas vivas) e diâmetro de tronco acima de 20 cm (DIAS et al. 2007, JONGSCHAAP et al. 2007, TOMINAGA et al. 2007). Adaptada a solos pouco férteis e clima desfavorável à maioria das culturas alimentares tradicionais, *J. curcas* pode ser considerada a mais promissora oleaginosa para produção de biodiesel nas regiões sudeste, centro-oeste e nordeste do Brasil.

Dentre as vantagens de *J. curcas* para cultivo destacam-se o longo ciclo produtivo, podendo chegar a 40 anos, e seu potencial de produtividade de 2 t/ha de óleo. Por ser perene, também contribui para a conservação do solo e reduz o custo de produção, fator importante para viabilidade econômica de seu cultivo pela agricultura familiar. Outra vantagem é possuir óleo de alta qualidade para biodiesel, em alto teor nas sementes (média de 38%), e ser adequado ao consórcio com outros cultivos, inclusive oleaginosos e/ou alimentares (DIAS et al. 2007).

Em janeiro de 2008, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) autorizou a inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC) da espécie *J. curcas*, sem a exigência de mantenedor, e a comercialização dessas sementes com exigência de Termo de Compromisso e Responsabilidade firmado entre o produtor de sementes e o agricultor, que será exigido até que sejam estabelecidos os padrões de identidade e de qualidade para o material de propagação. Deste modo, é necessário definir e propor para a comunidade de pesquisadores nacionais e órgãos governamentais responsáveis um conjunto de descritores, capaz de atender aos requisitos de DHE, ou seja, Distinguibilidade, Homogeneidade e Estabilidade. DHE é um procedimento técnico de comprovação de que a nova cultivar é distinguível de outra cujos descritores sejam conhecidos, homogêneas quanto às suas características em cada ciclo reprodutivo e estáveis quanto à repetição das mesmas características ao longo de gerações sucessivas. Os testes deverão ser conduzidos em pelo menos dois ciclos, independentes de crescimento (BRASIL 2008). No caso do pinhão manso, os testes deverão ser realizados até no mínimo os quatro anos de idade, quando a planta atinge seu pico de produção.

O aumento do interesse por *J. curcas* para produção de biodiesel tem criado demanda para o desenvolvimento de cultivares melhoradas. Entretanto, ainda é necessário cautela por parte dos pesquisadores e, principalmente pelos produtores e empresários agrícolas, com relação ao sucesso desta cultura para a produção de biodiesel. Os programas de melhoramento



genético com pinhão manso ainda são incipientes, se comparados aos programas de outras espécies oleaginosas como soja, algodão, amendoim, girassol e mamona.

A fase inicial de um programa de melhoramento genético geralmente ocorre com a instalação de um adequado banco de germoplasma. O sucesso de um programa também depende, em grande parte, do conhecimento da variabilidade genética disponível e das estimativas dos parâmetros genéticos das principais características.

A baixa variabilidade genética e fenotípica detectada em acessos de *J. curcas* na África e Ásia (BASHA & SUJATHA 2007, SUN et al. 2008) mostra a necessidade de introdução de novas fontes de variação genética, oriundos da América Latina, para serem usados nos programas de melhoramento genético. A existência de ampla variabilidade genética é importante em um programa de melhoramento, pois, a partir dela, se pode selecionar genótipos divergentes para produção de linhagens e a partir das linhagens obter os híbridos. Outra maneira é selecionar genótipos divergentes, possivelmente com alta média de teor de óleo, para produção direta dos híbridos através da clonagem.

## **2. OBJETIVOS**

O presente trabalho teve como objetivo: i) iniciar a definição dos principais descritores para a espécie, visando criar condições para registro de cultivares; ii) avaliar a variabilidade genética; iii) estimar parâmetros genéticos para os descritores definidos e iv) avaliar a correlação genotípica entre os descritores morfo-agronômicos e os descritores de sementes.

## **3. REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.1. Biocombustíveis**

Com a crise do petróleo na década de 1970, surgiu a valorização da biomassa como insumo energético moderno, passando a ser considerada como alternativa viável para atendimento às demandas por energia térmica e de centrais elétricas de pequeno e médio porte. Entretanto, a partir de 1985, os preços do petróleo voltaram a despencar, diminuindo novamente o interesse em energias alternativas. Mais tarde, na década de 1990, a biomassa voltou a ganhar destaque no cenário energético mundial devido ao desenvolvimento de tecnologias mais avançadas de transformação, à ameaça de esgotamento das reservas de combustíveis fósseis e a incorporação definitiva da temática ambiental nas discussões sobre desenvolvimento sustentável. Outro marco determinante foi a assinatura do Protocolo de Quioto em 1997, em que ficou estabelecido que os países desenvolvidos deveriam promover

reduções significativas nas emissões de gases de efeito estufa, indicando que a participação de energias renováveis tenderá a ocupar um lugar de destaque na matriz energética mundial (NOGUEIRA et al. 2000, BARROS & VASCONCELOS 2001).

As mudanças climáticas globais, por sua vez, exigem um esforço conjunto dos países no sentido de reduzirem suas emissões de gases de efeito estufa, principalmente gás carbônico e metano. Um bom caminho para se enfrentar todos esses desafios tem sido investir em energias alternativas, como a eólica, a nuclear e da biomassa (DIAS et al. 2009).

De acordo com a ANP (2010), biocombustíveis são derivados de biomassa renovável que podem substituir, parcial ou totalmente, combustíveis derivados de petróleo e gás natural em motores a combustão ou em outro tipo de geração de energia. Os biocombustíveis poluem menos por emitirem menos compostos do que os combustíveis fósseis, no processo de combustão dos motores e também porque seu processo de produção tende a ser mais limpo. Existem vários tipos de biocombustíveis, todavia, os dois principais biocombustíveis líquidos usados no Brasil são o etanol extraído de cana-de-açúcar e, em escala crescente, o biodiesel, que é produzido a partir de óleos vegetais ou de gorduras animais e adicionado ao diesel de petróleo em proporções variáveis.

Cerca de 45% da energia e 18% dos combustíveis consumidos no Brasil já são renováveis. No resto do mundo, 86% da energia vêm de fontes energéticas não-renováveis. Pioneiro mundial no uso de biocombustíveis, o Brasil alcançou uma posição almejada por muitos países que buscam fontes renováveis de energia como alternativas estratégicas ao petróleo (ANP 2010).

DIAS et al. (2009) destacam que esta nova modalidade de energia pode ser explorada por boa parte dos países do globo, em especial por aqueles da faixa intertropical, sendo que o Brasil é quem oferece as maiores oportunidades neste setor.

### **3.2. Biodiesel no Brasil**

O Brasil apresenta um grande potencial para produção de biocombustíveis em grande parte de sua extensão territorial, em função de suas características edafoclimáticas, biodiversidade (várias espécies potenciais para produção de biocombustíveis adaptadas a diferentes climas e biomas), disponibilidade de área e de mão-de-obra, bem como comprovada competência técnica no campo da ciência agrícola (DIAS et al. 2008).

DIAS et al. (2008) argumentam que o país é detentor da melhor tecnologia agrícola do mundo tropical e da maior área agricultável, algo como 350 milhões de hectares, já aberta, permitindo assim a preservação das florestas nativas remanescentes. Além disso, as

exigências para cultivo de plantas são perfeitamente atendidas pelas condições brasileiras, pois o país possui água e luz solar em abundância. Por último, argumenta que o Brasil tem grande oferta de mão de obra para alavancar a produção no campo, riqueza de espécies vegetais das quais se podem extrair bioetanol, biodiesel e bioquerosene, e tradição em geração de energia limpa. Todas essas condições reunidas já colocam o Brasil na liderança da produção mundial de agroenergia, notadamente de agrocombustíveis.

O Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel (PNPB) é um programa interministerial do Governo Federal que objetiva a implementação de forma sustentável, tanto técnica, como economicamente, da produção e uso do Biodiesel, com enfoque na inclusão social e no desenvolvimento regional, via geração de emprego e renda.

De acordo com o PNPB, biodiesel é o biocombustível derivado de biomassa renovável para uso em motores a combustão interna com ignição por compressão ou, conforme regulamento, para outro tipo de geração de energia, que possa substituir parcial ou totalmente combustíveis de origem fóssil. Assim, há amplas possibilidades de uso do biodiesel em transportes urbanos, rodoviários, ferroviários e aquaviários de passageiros e cargas, geradores de energia, motores estacionários, etc (PNPB 2010).

Ao lançar o PNPB, em 06/12/2004, o Governo Federal apoiou-se na crescente demanda por combustíveis de fontes renováveis e no potencial brasileiro para atender parte expressiva dessas necessidades, gerando empregos e renda na agricultura familiar, reduzindo disparidades regionais contribuindo para a economia de divisas e melhorar as condições ambientais. Isso sintetiza a lógica do PNPB. No século XVIII, a fonte de energia predominante foi o carvão, seguido pelo petróleo nos séculos seguintes. Há grande consenso entre analistas, de que o século XXI será da agroenergia (PNPB 2010).

Pelas suas condições de solo e clima, o Brasil tem grande potencial de produção de biomassa. A agregação de valor à produção primária representa importante vantagem comparativa para o Brasil. O biodiesel é uma dessas possibilidades, talvez a mais promissora, porque a demanda de energia vai aumentar enquanto a economia mundial estiver crescendo. Isso implica dizer que a demanda por agroenergia não pára de crescer, ao contrário do que ocorre com a maioria dos produtos do agronegócio. Nesse contexto, o Governo vislumbrou a possibilidade de engajar agricultores familiares e produtores de regiões mais pobres do país na cadeia produtiva do biodiesel. Isso foi feito mediante estímulos tributários às empresas que adquirem oleaginosas produzidas por esses segmentos. Para inserir essa estratégia numa lógica de mercado, a mistura do biodiesel ao diesel de petróleo, em proporções crescentes nos próximos anos, foi tornada obrigatória por força de lei (PNPB 2010).

Atualmente, as principais matérias-primas utilizadas para a produção do biodiesel no Brasil são a soja, a gordura bovina e o algodão, com contribuição de aproximadamente 84,11%, 12,53%, 0,89 e 0,48% respectivamente, sendo os outros materiais graxos responsáveis por 1,99% da produção (Figura 1). No entanto, DIAS et al. (2009) relatam que essa forte concentração em uma matéria-prima cria dificuldades momentâneas, dado que na cadeia de produção da soja predominam os grandes produtores e as grandes empresas. Como no etanol da cana-de-açúcar, o agricultor familiar se encontra pouco inserido na cadeia de produção do biodiesel, em que pese o mecanismo do Selo Combustível Social. Tal mecanismo estimula as refinarias a adquirirem matéria-prima daquele tipo de agricultor, em percentuais mínimos que variam entre regiões, para habilitarem-se aos leilões de compra de biodiesel. Estes mesmos autores argumentam ainda que a soja é a oleaginosa-chave para o sucesso do PNPB, desde que sua contribuição seja mantida na faixa de 64-68%, e não 84,11%, como ocorre atualmente. Reduzir a contribuição da soja implica em ampliar a contribuição de outras matérias-primas que podem ser produzidas pela agricultura familiar, a exemplo do pinhão manso e da macaúba (*Acrocomia aculeata*), além de outras espécies oleaginosas igualmente perenes que forem sendo validadas pelas pesquisas.

### **3.2.1. Importância Econômica**

Até o início do século XX a agricultura proporcionava alimentos, fibras têxteis e madeira. Agora, ela vem se destacando também como ofertante de energia de biomassa, também chamada agroenergia. A agroenergia abre uma nova janela de oportunidade para um setor gigante, mas que parecia nada mais ter a oferecer. Segundo Roberto Rodrigues, o consumo mundial de agroprodutos movimentava 750 bilhões de dólares. Este comércio é metade daquele dos petroprodutos. Suponhamos então um cenário de substituição de 10% dos petroprodutos por agroprodutos energéticos. Isso injetaria 150 bilhões de dólares no agronegócio mundial, ou seja, um incremento de 20%. Esse simples exercício de cenário expressa toda a potencialidade da agroenergia (DIAS et al. 2009).

O Brasil, desde julho de 2009, através do seu PNPB, produz e comercializa o B4, representado pela mistura de 4% de biodiesel com 96% de óleo diesel. A partir de janeiro de 2010, o país disponibilizou o B5, alavancando a demanda do biodiesel no Brasil (ANP 2009). Estudos desenvolvidos pelo Ministério do Desenvolvimento Agrário, Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Integração Nacional e Cidades mostram que, a cada 1% de participação da agricultura familiar no mercado de biodiesel do país, baseado no uso do B5, seria possível gerar cerca de 45 mil empregos no campo, a um custo médio de, aproximadamente, R\$

4.900,00 por emprego (HOLANDA 2004). Admitindo-se que, para cada emprego no campo são gerados 3 empregos na cidade, seriam criados 135 mil empregos na cidade, totalizando 180 mil empregos. Finalmente, é importante destacar que na agricultura empresarial emprega-se, em média, um trabalhador para cada 100 hectares cultivados, enquanto na agricultura familiar a relação é de 10 hectares por trabalhador (BRASIL 2006).

O Brasil está entre os maiores produtores e consumidores de biodiesel do mundo, com uma produção anual, em 2009, de 1,6 bilhões de litros e uma capacidade instalada, em janeiro de 2010, de 4,7 bilhões de litros (ANP 2010). Em 2008, o uso do biodiesel no Brasil evitou a importação de 1,1 bilhões de litros de diesel de petróleo, resultando em uma economia de divisas de US\$ 976 milhões. Atualmente, o país possui uma capacidade nominal autorizada de 11759,83 m<sup>3</sup>/dia de óleos autorizados para comercialização de biodiesel (ANP 2010). BRASIL (2006) destaca que o País consome anualmente 35 bilhões de litros de óleo diesel, sendo 9% desse volume importado.

### **3.3. Espécies Vegetais com Potencial para Produção de Biodiesel**

No Brasil, as alternativas para a produção de óleos vegetais são diversas, o que constitui num dos muitos diferenciais para a estruturação do programa de produção e uso do biodiesel no País. Por se tratar de um País tropical, com dimensões continentais, o desafio colocado é o do aproveitamento das potencialidades regionais. Isso é válido tanto para culturas já tradicionais, como a soja, o amendoim, o girassol, a mamona e o dendê, quanto para alternativas novas, como o pinhão manso, o nabo forrageiro, o pequi, o buriti, a macaúba e uma grande variedade de oleaginosas a serem exploradas (BRASIL 2006).

Segundo BILICH & DASILVA (2006), as principais fontes para extração de óleo vegetal com potencialidade para o uso na produção de biodiesel são: baga de mamona, polpa do dendê, amêndoa do coco de dendê, amêndoa do coco de babaçu, semente de girassol, amêndoa do coco da praia, caroço de algodão, grão de amendoim, semente de canola, semente de pinhão manso, semente de maracujá, polpa de abacate, semente de linhaça e de nabo forrageiro e, entre as plantas nativas, pode se contar com o pequi, o buriti e a macaúba entre outras que apresentaram resultados relevantes nos testes laboratoriais.

Convém ressaltar que enquanto o biodiesel alemão é produzido exclusivamente da canola (*Brassica napus* L.), o brasileiro pode ser produzido por mais de uma dezena de espécies oleaginosas e respeitando as aptidões regionais. Assim, por exemplo, na região Norte do Brasil, o dendê (*Elais oleifera*) é a oleaginosa mais adequada. No Nordeste destacam-se o babaçu (*Orbignya phalerata*), a mamona (*Ricinus communis* L.) e o pinhão manso. No

Sudeste, macaúba (*Acrocomia aculeata*), pinhão manso, algodão (*Gossypium hirsutum* L.), amendoim (*Arachis hypogaea* L.) e girassol (*Helianthus annuus*) são, no momento, as mais adequadas. No Centro-Oeste, os destaques são a soja (*Glycine max*), o algodão e o pinhão manso. Para o Sul, as opções são a soja, o girassol, o algodão e o tungue (*Aleurites fordii*). Essa riqueza de matérias-primas é o grande diferencial do programa brasileiro de biodiesel e deve receber toda a atenção da política nacional de agrocombustíveis (DIAS et al. 2009).

### **3.4. Pinhão manso**

Atualmente, existem diversos trabalhos de pesquisas com *J. curcas*. Entretanto, o grau de melhoramento desta espécie é ainda incipiente e causa preocupação aos pesquisadores. Existe ainda necessidade de maior conhecimento e pesquisas a respeito, por exemplo, da diversidade genética, centros de origem, sistema de cruzamento e fluxo gênico, agentes polinizadores e sistema de polinização, controle de pragas e doenças, manejo cultural e, principalmente, estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento, produção e teor de óleo. É ainda uma espécie silvestre se comparada à soja, girassol, algodão e milho.

#### **3.4.1. Matéria Prima Alternativa para a Produção de Biocombustível**

O gênero *Jatropha* possui 170 espécies conhecidas, dentre elas *Jatropha curcas* L., que tradicionalmente é cultivada como fonte de matéria-prima para a produção de fármacos, combustível para lamparinas e sabões. É considerada uma planta tóxica tanto para humanos quanto para animais (HELLER 1996). Historicamente o pinhão manso tem sido cultivado como cerca viva em diversos países da África, bem como no Brasil, visando à proteção de cultivos agrícolas. É uma euforbiácea arbustiva de crescimento rápido. É espontânea em áreas de solos pouco férteis e de clima desfavorável à maioria das culturas alimentares tradicionais. Pode ser considerada uma das mais promissoras oleaginosas para produção de biodiesel em diversas regiões do Brasil e do mundo. No Brasil, há expectativa de plantio em larga escala nas próximas décadas (DIAS et al. 2007, JONGSCHAAP et al. 2007, TOMINAGA et al. 2007).

Dentre as vantagens do pinhão manso para cultivo estão o seu longo ciclo produtivo, podendo chegar a 40 anos, e sua produtividade de 2 t/ha de óleo. Por ser perene, também contribui para a conservação do solo e reduz o custo de produção, fator importante para sua viabilidade econômica para a agricultura familiar. Outra vantagem é possuir óleo de qualidade para biodiesel, em alto teor nas sementes (média de 38%), e ser adequado ao consórcio com

outros cultivos (DIAS et al. 2007). Além disso, contribui para o aumento da área reflorestada e do seqüestro de carbono, reduzindo o efeito estufa.

Para MISHRA (2009), apesar de o combustível fóssil ter um importante impacto no aquecimento global, o que torna o biodiesel uma importante alternativa, os usos alternativos da terra também devem ser considerados, especialmente para fornecer alimentos para uma população crescente. Porém, neste cenário, o pinhão manso leva vantagem em relação a outras oleaginosas uma vez que pode ser plantado para recuperação de áreas degradadas, áreas marginais e de baixa fertilidade, e em regiões de baixa precipitação. Além disso, seu plantio pode ser feito em sistema similar ao cultivo mínimo, dispensando aração e gradagem, em consórcio com outras culturas e com a pecuária, o que faz dele um cultivo adequado a agricultura familiar.

MACEDO (2000) cita que, dentre os benefícios alcançados com a introdução de árvores ou arbustos em áreas com pastagens cultivadas cabe destacar a proteção do solo contra a erosão, conservação da água, manutenção do ciclo hidrológico, melhoramento das características físicas e químicas do solo, além de benefícios socioeconômicos tais como diversificação da produção e da renda, redução da sazonalidade da demanda por mão-de-obra no campo, etc. Neste contexto, DIAS et al. (2008) relatam a possibilidade de implantação de sistemas silvipastoris, em que o componente arbóreo-arbustivo seja constituído por espécies oleaginosas, é uma opção viável que, além de contribuir para evitar a degradação das pastagens, garantindo e viabilizando a produção animal, irá proporcionar concomitante produção de matéria-prima para a indústria de óleos vegetais, com particular interesse para a produção de biocombustíveis.

O pinhão manso ocorre em altitudes que variam desde o nível do mar até 1.000 metros. Desenvolve-se bem em áreas com precipitações que variam de 480 mm a 2380 mm médios anuais e com temperaturas médias anuais variando entre 18 e 28 °C (PEIXOTO 1973, SATURNINO et al. 2005). Por outro lado, HENNING (1996) ressalta que a planta é resistente a longos períodos de estiagem, porém em precipitações abaixo de 600 mm tem seu crescimento bastante afetado. Da mesma forma, há relatos que apesar de ser tolerante à seca, seu desenvolvimento é bastante afetado pela distribuição irregular de chuvas e ação prolongada dos ventos (BRASIL 1985).

Quando plantado no princípio da estação chuvosa, o pinhão-manso inicia a produção de frutos já no primeiro ano de cultivo, embora atinja o seu clímax produtivo a partir do quarto ano, com capacidade produtiva potencial por mais de 40 anos. De acordo com informações mais atuais, a planta produz, em média, 100, 500, 2.000 e 4.000 g planta<sup>-1</sup> de

sementes no primeiro, segundo, terceiro e quarto anos de cultivo, respectivamente (TOMINAGA et al. 2007). Dependendo do espaçamento, a produtividade pode passar dos 6.000 kg ha<sup>-1</sup> de sementes. Com essa produtividade, é possível produzir mais de 2.000 kg ha<sup>-1</sup> de óleo. No entanto, com o melhoramento genético e aprimoramento do sistema de produção, acredita-se que o pinhão manso possa produzir acima de 4.000 kg ha<sup>-1</sup> de óleo (LAVIOLA & DIAS 2008). PAULINO et al. (2006) relatam produção média de 5 toneladas de sementes por hectare, correspondendo a 1,75 toneladas de óleo vegetal, quase o quádruplo do rendimento do óleo de mamona. Para WANI et al. (2006), o pinhão manso atinge a estabilidade de produção no quinto ano, com produtividade em plantio de sequeiro em torno de 700 a 1500 kg ha<sup>-1</sup> de semente e em plantio irrigado de 1500 a 2500 kg ha<sup>-1</sup>.

MISHRA (2009) relata que variação do teor de óleo e da produção de sementes pode ser atribuída a diversos fatores, como genótipo, precipitação e fertilidade do solo. A produtividade do pinhão manso depende da disponibilidade dos minerais do solo, principalmente nitrogênio. A planta cresce em áreas marginais, mas seu rendimento será relativamente baixo quando se comparado aquele feito em solo fértil. A escolha dos melhores genótipos para locais distintos pode melhorar a produção de grãos, mas sem insumos adequados, a produtividade tenderá a ser baixa em áreas marginais.

O pinhão manso é uma oleaginosa que pode ser usada tanto para extração de óleo para produção de biodiesel, como também o seu subproduto, a torta, resultante do processo de extração do óleo dos grãos, pode ser utilizada como fertilizante natural em virtude do alto teor de nutrientes (NPK), podendo ser aplicado na própria lavoura ou até mesmo em outras culturas (NETO 2007).

O teor médio de óleo nas sementes de pinhão manso, em base ao peso seco, é de 38% (DIAS et al. 2007). Esse óleo é inodoro, incolor, muito fluído, porém solidificando-se a -10 °C, solúvel em benzina e água e insolúvel em álcool 96 °C. Sua toxidez pode ser eliminada por aquecimento em solução aquosa a 100 °C por 15 minutos (SOUZA 2006).

A toxidez do pinhão manso está relacionada à presença de fatores antinutricionais tais como a curcina (uma proteína inativadora de ribossomos que age como irritante da mucosa gastrointestinal e tem ação hemaglutinante); inibidores de tripsina (enzima necessária à boa digestão das proteínas); fitatos (classe de compostos de ocorrência natural formados durante o processo de maturação de sementes e grãos) e os ésteres de forbol. Com exceção dos ésteres de forbol, os demais agentes antinutricionais citados são destruídos pelo calor durante o processo de extração do óleo. Os ésteres de forbol são os principais componentes tóxicos presentes no pinhão manso e são derivados de diterpenos tetracíclicos, restritos às famílias



Euphorbiaceae e Thymelaceae. Tais ésteres possuem atividades promotoras de tumor e inflamações (MARQUES & FERRARI 2008).

### 3.4.2. Centro de Origem

Muito se discute sobre a origem do pinhão manso. Porém o tema é ainda muito controverso.

HELLER (1996) relata que *J. curcas* é nativa da América tropical, mas é encontrado em abundância em áreas tropicais e subtropicais na África e Ásia, supostamente distribuída por navegantes portugueses através das ilhas de Cabo Verde e Guiné-Bissau.

ARRUDA et al. (2004) apontam que *J. curcas* é provavelmente originário do Brasil, tendo sido introduzida por navegadores portugueses nas Ilhas do Arquipélago Cabo Verde e Guiné, de onde foi disseminado pelo continente Africano. MISHRA (2009), RAO et al. (2008) e GINWAL et al. (2005) alegam que *J. curcas* é tropical, nativa do México e América Central, sendo também cultivada em muitos outros países latino-americanos, asiáticos e africanos. BASHA et al. (2009) incluem as América do Sul e Central como centros de origem da espécie e também relatam sua presença em toda a América Central, África e Ásia.

Para CORTESÃO (1956), PEIXOTO (1973), JONES & MILLER (1992) e FRANCIS et al. (2005) a distribuição geográfica de *J. curcas* é bastante vasta devido à sua rusticidade, resistência à seca, fácil propagação, alto teor de óleo, sementes de baixo custo, curto período de germinação, rápido crescimento, adaptável a várias condições edafoclimáticas, natureza arbustiva e múltiplos usos de diferentes partes da planta.

### 3.4.3. Descrição Botânica

*J. curcas* (Figura 2) é uma espécie perene e monóica, pertencente à família das Euforbiáceas, a mesma da mamona (*Ricinus sp.*), mandioca (*Manihot sp.*) e seringueira (*Hevea spp.*). É um arbusto de crescimento rápido, caducifólio, que pode atingir mais de 5 m de altura. O caule é liso de lenho mole. Possui raízes curtas e pouco ramificadas. O tronco é dividido desde a base, em compridos ramos (DIAS et al. 2007).



**Figura 2.** Árvore de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.).

As folhas são verdes e brilhantes, largas e alternadas, em forma de palma, com três a cinco lóbulos e pecioladas, com nervuras esbranquiçadas e salientes na face inferior (Figura 3). É uma planta caducifólia - as folhas caem em parte ou totalmente quando termina a estação chuvosa ou durante a estação fria, quando entra em um período de repouso. Neste estado a planta permanece até o começo da primavera ou da estação chuvosa. O término do repouso vegetativo é demonstrado com o rápido surgimento dos brotos no ápice dos galhos do ano. Na mesma ocasião do surgimento dos brotos surgem também as inflorescências (DIAS et al. 2007).



**Figura 3.** Folhas de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.).

A planta é monóica, com flores masculinas e femininas na mesma inflorescência e eventualmente com presença de flores hermafroditas (Figura 4). As masculinas surgem em maior numero, nas extremidades das ramificações, e as femininas nas bases delas. A abertura das flores femininas na mesma inflorescência ocorre em dias diferentes. Após abertura da primeira flor, as outras abrirão diariamente durante cerca de 11 dias consecutivos. A polinização é por insetos (abelhas, formigas, trips e moscas). Sob condições climáticas de

Minas Gerais a floração do pinhão manso ocorre após o período de seca. Em consequência, o pico da colheita dos frutos ocorre de fevereiro a abril, ou, até julho, quando o período chuvoso é mais prolongado. Da flor ao fruto maduro são decorridos cerca de 60 dias (DIAS et al. 2007, JONGSCHAAP et al. 2007, TOMINAGA et al. 2007).



**Figura 4.** Inflorescência de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)

O fruto é capsular ovóide, com 1,5 a 3,0 cm de diâmetro, trilocular, formado por um pericarpo ou casca dura e lenhosa, indeiscente, ou seja, que não se abre quando maduro, contendo três sementes, sendo uma por lóculo (Figura 5). A maturação não é uniforme, observando-se em um mesmo cacho frutos verdes, amarelos quando maduros, castanhos e por fim pretos. No geral, 53 a 62% do peso do fruto é representado pelas sementes e 38 a 47% pela casca. O peso dos frutos varia de 1,5 a 3,0 gramas (DIAS et al. 2007, JONGSCHAAP et al. 2007, TOMINAGA et al. 2007).



**Figura 5.** Frutos de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)

A semente é relativamente grande, e quando seca mede entre 1,5 a 2,0 cm de comprimento e 1 a 1,3 cm de largura. Seu peso varia de 0,5 a 0,8 g e apresenta teor de óleo variando de 33 a 38%. Em sua constituição, de fora para dentro, há o tegumento rijo e a

película branca cobrindo a amêndoa. A amêndoa contém albúmen ou endosperma que é abundante, branco, oleaginoso e o embrião, constituído do eixo embrionário e de dois largos cotilédones achatados e foliáceos (DIAS et al. 2007, SATURNINO et al. 2005, HELLER 1996). De acordo com PEIXOTO (1973), a semente apresenta em média as proporções de 45% de casca e 55% de amêndoa.



**Figura 6.** Sementes de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)

#### **3.4.4. Variabilidade**

A despeito da intensificação das pesquisas com *J. curcas*, pouco se conhece sobre sua diversidade genética. A existência de ampla variabilidade genética é importante em um programa de melhoramento, pois, a partir dela, se pode selecionar genótipos divergentes para produção de linhagens e a partir das linhagens obter os híbridos. Outra maneira é selecionar genótipos divergentes, possivelmente com alta média de teor de óleo, para produção direta dos híbridos através da clonagem. O próprio fato de o pinhão manso ter se adaptado a uma ampla gama de condições edáficas e ecológicas sugere que existe uma quantidade considerável de variabilidade genética a ser explorada nos programas de melhoramento (RAO et al. 2008).

Segundo HELLER (1996) a chave para o sucesso de todo programa de melhoramento genético é uma adequada variabilidade genética e a avaliação de acessos divergentes com características desejáveis tais como alta produtividade de sementes, alta taxa de flor feminina em relação à flor masculina, porte reduzido, resistência a pragas e doenças, uniformidade e precocidade de maturação, resistência/tolerância à seca, e, principalmente, alto teor e melhoramento das propriedades químicas e físicas do óleo. Por isso é muito importante o levantamento de informações quanto à diversidade do germoplasma disponível para o estabelecimento de coleções com variação genética representativa do gênero *Jatropha*.

Alguns trabalhos têm desenvolvido estudos relacionados com a diversidade genética do pinhão manso, tanto na área molecular (SOUZA et al. 2009), quanto na fenotípica (JUHÁSZ et al. 2009, CARVALHO et al. 2009 e MELLO et al. 2009). Os materiais necessitam estar caracterizados e avaliados para que assim, forneçam subsídios para os programas de melhoramento genético da espécie, permitindo melhor aproveitamento da variabilidade genética de acordo com a sua finalidade.

Até o presente, 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). A baixa variabilidade genética e fenotípica detectada em acessos da África e Ásia (BASHA & SAJUTHA 2007, SUN et al. 2008) mostram a necessidade de introdução de novas fontes de variação genética, oriundos da América Latina, para serem usados nos programas de melhoramento genético.

No Brasil, vários bancos ativos de germoplasma (BAG) de *J. curcas* vem sendo implantados. A Embrapa Algodão, em Patos, PB, possui 103 acessos de diferentes procedências do Brasil (Pernambuco, Tocantins, Paraíba, Ceará), El Salvador, Colômbia e África (SILVA et al. 2008). A Embrapa Rondônia, em Porto Velho, detém 240 acessos (SPINELLI et al. 2009) e a Embrapa Cerrados, de Planaltina, DF, conta com 190 acessos (LAVIOLA et al. 2009). Merece destaque o BAG do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, que contempla 78 acessos com a mais ampla variabilidade já relatada para diversos caracteres juvenis e teor de óleo (FREITAS et al. 2009).

Estudos quantificando a variabilidade genética da *J. curcas* também estão sendo realizados com acessos provenientes de Índia (WANI et al. 2006, KAUSHIK et al. 2007, RAO et al. 2008, RAM et al. 2008, TATIKONDA et al. 2009), África, México, Madagascar (BASHA et al. 2009), China e Malásia (SUN et al. 2008).

A espécie é de polinização cruzada, o que significa que a propagação assexuada de fenótipos superiores renderá progênie superior (MISHRA 2009). Portanto, a escolha do melhor fenótipo entre os acessos poderá gerar clones superiores.

### **3.5. Descritores**

De acordo com o Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA), cultivar é a variedade de qualquer gênero ou espécie vegetal superior, que seja claramente distinguível de outras cultivares conhecidas por margem mínima de descritores, por sua denominação própria, que seja homogênea e estável quanto aos descritores, através de gerações sucessivas, e seja de

espécie passível de uso pelo complexo agroflorestal, descrita em publicação especializada disponível e acessível ao público, bem como a linhagem componente de híbridos. Deste modo, é necessário definir e propor para a comunidade de pesquisadores nacionais e órgãos governamentais responsáveis um conjunto de descritores, capaz de atender aos requisitos de DHE, ou seja, Distinguibilidade, Homogeneidade e Estabilidade, procedimento técnico de comprovação de que a nova cultivar ou a cultivar essencialmente derivada são distinguíveis de outra cujos descritores sejam conhecidos, homogêneas quanto às suas características em cada ciclo reprodutivo e estáveis quanto à repetição das mesmas características ao longo de gerações sucessivas. Os testes deverão ser conduzidos em pelo menos dois ciclos, independentes de crescimento (BRASIL 2008).

A avaliação e a caracterização de germoplasma referem-se ao emprego de processos e métodos para se gerar informações sobre os recursos genéticos reunidos no banco. Esse tipo de avaliação e a caracterização se processa com o emprego de marcadores morfo-agronômicos. Em conjunto, estes marcadores devem descrever detalhadamente cada acesso, sendo por isso denominados descritores, e expressar a potencialidade de uso do germoplasma para diferentes linhas de pesquisa (ALMEIDA & DIAS 2001).

Defina-se descritor como sendo uma característica mensurável ou subjetiva de um acesso, como altura da planta, cor da flor, comprimento do pecíolo, etc. Os descritores são agrupados na forma de lista para cada espécie em particular e são aferidos através do estado do descritor, ou seja, as categorias reconhecidas como válidas para aquele descritor (exemplo: cor da flor roxa, branca ou violácea; cor do pecíolo verde, verde-avermelhada ou vermelho-esverdeada). Descritores são aplicados na caracterização e avaliação de bancos de germoplasma para tornar suas propriedades agronômicas conhecidas (BOREM & MIRANDA 2009).

A avaliação, frequentemente, recai sobre características de importância econômica como rendimento e seus componentes e resistência a doenças. Tais características comumente têm controle poligênico e estão, portanto, sobre forte influência ambiental, necessitando, pois, de condições ecológicas especiais para gerarem dados confiáveis e reprodutíveis (SIMMONDS 1981, ENGELS 1993). Por sua vez, a caracterização consiste na obtenção de dados, sobretudo de características qualitativas, para descrever e diferenciar os acessos existentes. De modo geral, os principais descritores são agrupados em plantas (altura, forma, hábito de crescimento e ramificação), de folha (forma, largura comprimento, cor, tipo de borda e nervura), de flor (forma, cor e tipo do cálice), de fruto (forma, cor, volume e numero de sementes) e de semente (tamanho, forma e cor) (QUEROL 1993).

Segundo ENGELS (1993), tais descritores são predominantemente taxonômicos, enquanto o melhorista necessita de informações agronômicas detalhadas. Por outro lado, deve-se ter sempre em mente que descritores em número excessivo são de pouca utilidade prática ou mesmo de uso limitado. Deve-se dispor também de um sistema de manejo dos dados que permita a construção de banco de dados, o processamento de análises estatísticas e genéticas e que seja eficiente e prático para orientar a tomada de decisões e monitorar os esforços realizados. BEKELE et al. (1994) propuseram uma lista de 65 descritores para cacau, tendo sido otimizada para 12 descritores com o emprego de métodos multivariados de quantificação de divergência fenética entre acessos.

Algumas oleaginosas como a soja, mamona e girassol já possuem seus descritores definidos no MAPA, com 37, 35 e 44 descritores respectivamente (BRASIL 2010). No entanto, há necessidade da determinação de descritores para espécies como pinhão manso, macaúba, dendê, dentro outras oleaginosas.

### **3.6. Banco de Germoplasma**

Entende-se germoplasma como sendo um conjunto de genótipos representativo de uma espécie. Deste modo, banco de germoplasma (BAG) é onde são estocados em condições adequadas, os genótipos das espécies de interesse, genericamente denominados acessos, conservando os recursos naturais e sua diversidade genética. O BAG não possui apenas a função de armazenar germoplasma, é também responsável pelas atividades de prospecção, coleta, introdução, intercâmbio, quarentena, caracterização, conservação, inspeção, multiplicação e regeneração do germoplasma (RAMALHO et al. 2008).

Esses bancos são fundamentais, pois permitem ao melhorista obter novos genes/alelos, a serem incorporados aos trabalhos de melhoramento genético, além da preservação da variabilidade gênica. Os genótipos introduzidos podem ser usados de forma direta, como variedades comerciais, ou empregados nos programas de melhoramento, visando à criação de novas variedades. Para tanto, estes materiais necessitam estar caracterizados e avaliados para permitir um melhor aproveitamento da variabilidade genética de acordo com a sua finalidade. A caracterização da diversidade da espécie é importante, pois a partir dela, pode-se, posteriormente, selecionar aqueles genótipos de maior interesse (BUENO et al. 2001).

A caracterização de germoplasma pode ser realizada por diferentes métodos, incluindo desde práticas tradicionais, que envolvem o uso de listas de descritores morfológicos e agronômicos, a aplicação bioquímica para detectar diferenças entre isoenzimas, proteínas e marcadores moleculares (VICENTE et al. 2005).

Em plantas perenes, a caracterização do BAG desempenha papel preponderante por eliminar duplicatas, reduzir gastos consideráveis na manutenção, quantificar a diversidade, otimizar estratégias de amostragem pelo conhecimento dos níveis de estruturação genética, além de identificar acessos desejáveis para o programa de melhoramento genético (GOMES 2007).

De acordo com MISHRA (2009) o uso de germoplasma apropriado é de fundamental importância para as atividades de melhoramento de plantas. Embora seja amplamente reconhecido que as espécies de plantas se diferenciam em local, exigência e uso, a extensão da variabilidade genética dentro delas tem sido pouco apreciada. A grande variação genética natural encontrada na maioria das espécies é um recurso que deve ser utilizado. Um programa de melhoramento bem sucedido começa por definir as características que precisam ser melhoradas.

A avaliação e a seleção de plantas dentro de BAG são feitas por meio de descritores morfo-agronômicos. O pré-melhoramento da cultura fornece subsídios aos melhoristas sobre a variabilidade da espécie e das possibilidades da seleção de caracteres agronômicos desejáveis. Devem-se estudar também no BAG as estimativas de parâmetros genéticos, pois, estas permitem conhecer a estrutura genética da população, a inferência da variabilidade genética presente na população e proporcionam subsídios para prever os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento. Essas estimativas também são importantes na redefinição dos métodos de melhoramento a serem utilizados, na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, na definição com eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos com a manutenção da base genética adequada na população (CRUZ & CARNEIRO 2006).

### **3.7. Divergência Genética por Análises Multivariadas**

A diversidade genética entre genótipos pode ser avaliada com base em marcadores moleculares e bioquímicos, enquanto a fenotípica pode ser obtida por caracteres morfológicos, botânicos e agronômicos, os quais são quantificados pelas estimativas de dissimilaridade.

A análise multivariada é uma extensão da análise univariada. Enquanto a última testa a igualdade entre as médias dos tratamentos, a multivariada testa a igualdade dos vetores de médias dos tratamentos. Então, a multivariada é o procedimento mais adequado para se avaliar um grupo de  $k$  tratamentos ou uma amostra a partir do conjunto de  $p$  variáveis respostas. A grande vantagem de se utilizar um procedimento multivariado é a visão holística



que ele proporciona. Assim, a discriminação entre tratamentos no caso multivariado, ao contrário do univariado, é feita considerando-se as múltiplas variáveis conjuntamente, sendo que nenhuma delas assume a posição de variável independente (DIAS 1994).

A aplicação de métodos multivariados permite quantificar a divergência existente nas coleções, identificar grupos de similaridade que possam se constituir em duplicatas, e ainda otimizar estas coleções pela identificação dos caracteres mais informativos para divergência. Além disso, o uso desta metodologia não representa custos adicionais, uma vez que elas podem ser aplicadas em estudos de caracterização de germoplasma, demandando apenas sistemas computacionais (DIAS et al. 2007).

A divergência genética entre um grupo de progenitores tem sido avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ et al. 2004).

Alguns trabalhos com culturas oleaginosas como mamona (NETO et al. 2010), pinhão manso (KAUSHIK et al. 2007, GOHIL & PANDYA 2008, RAO et al. 2008) e soja (KOGA et al. 2008) tem utilizado destas técnicas.

A heterose manifestada em híbridos pode ser função dos efeitos de dominância dos genes para o caráter em questão. Populações que possuem grande número de alelos em comum para um determinado caráter, são designadas como similares, e inadequadas para produzir cruzamentos superiores. Contrariamente, populações divergentes com diferença na frequência dos locos considerados, podem ser apropriadas para hibridação (FALCONER 1989).

### **3.7.1 Análise de Agrupamento**

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação os progenitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ et al. 2004). Esta análise visa classificar os acessos avaliados por um conjunto de caracteres ou variáveis, calculando uma matriz de dissimilaridade ou distância entre eles, e sobre esta matriz aplicar um algoritmo de agrupamento, de modo a identificar e conectar os grupos pela similaridade. Esta técnica desconhece *a priori* o número e a composição dos diferentes grupos a serem formados. No entanto, com esta técnica é possível

alocar itens em grupos semelhantes. Naturalmente que muitos são os coeficientes de distância e os algoritmos de agrupamento passíveis de serem aplicados. A versatilidade e o poder discriminatório da análise de agrupamento têm permitido a sua aplicação nas mais diversas áreas da ciência (DIAS 1998).

Nos estudos de divergência genética, destinados a identificação de progenitores para hibridação tem sido de uso mais rotineiro a distância Euclidiana média ou a generalizada de Mahalanobis, sendo esta última a preferida, mas que só é possível de ser estimada quando se dispõe da matriz de covariância residuais estimada a partir de ensaios experimentais com repetição (CRUZ et al. 2004). O princípio geral de todos os métodos de agrupamento tem sido o de maximizar a similaridade dentro de grupos e a dissimilaridade entre os grupos.

Como no processo de agrupamento é desejável ter informações relativas a cada par de progênies, o número de estimativas de medidas de dissimilaridade é relativamente grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual daquelas estimativas. Para realizar esta tarefa, faz-se uso dos métodos de agrupamento. Dentre os métodos mais comumente utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquico e os de otimização (CRUZ et al. 2004). Nos métodos hierárquicos, os progenitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de progenitores para determinado grupo (CRUZ et al. 2004). O método hierárquico de ligação média não-ponderada entre grupos, mais conhecido como UPGMA (unweighted pair-group method using arithmetic averages), tem sido utilizado com frequência. Trata-se de uma técnica de agrupamento que utiliza as médias aritméticas (não-ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando assim caracterizar as dissimilaridades por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados (CRUZ et al. 2008). Este método trabalha a distância intergrupo como sendo a média das distâncias pareadas dos membros de dois grupos (DIAS 1998).

Nos métodos de otimização realiza-se a partição do conjunto do grupo de progênies em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida pré-estabelecida. Um dos métodos de otimização mais comumente empregados no melhoramento genético é o proposto por Tocher, citado por RAO (1952). Este método adota o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ et al. 2004). Para DIAS (1994), a principal utilidade das técnicas de agrupamento ocorre quando se emprega em

um grande número de dados, transformando-o em pequenos subconjuntos de mais fácil interpretação e manipulação.

### **3.7.2. Análise de Variáveis Canônicas**

A análise multivariada, com base em variáveis canônicas, foi relatada por RAO (1952). Trata-se de um processo alternativo para a avaliação do grau de similaridade genética entre progenitores que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual, quanto à de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados (CRUZ et al. 2004).

A técnica de variáveis canônicas permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de  $n$  variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo da variação original disponível e serem independentes entre si. Entretanto, a técnica de variáveis canônicas baseia-se nas informações entre e dentro de genótipos (ou entre indivíduos de cada genótipo), havendo, portanto, necessidade de dados, em nível de acessos, com repetições (CRUZ et al. 2008).

As análises de agrupamentos descritas anteriormente levam a perda de informações ao nível de indivíduos, restando apenas informação sobre o grupo de similaridade. Por este motivo, o estudo da divergência é conduzido também e, por vezes simultaneamente, por variáveis canônicas, permitindo recuperar estas informações, a partir da representação gráfica com eixos formados pelos escores das primeiras variáveis canônicas (DIAS 1994).

A análise por variáveis canônicas, quando utilizada em estudos de divergência genética, tem como propósito possibilitar a identificação de genótipos similares em gráficos de dispersão bi ou tri dimensional. Esta técnica apresenta a vantagem adicional de manter o princípio do processo de agrupamento com base na distância  $D^2$ , de Mahalanobis, o qual leva em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos progenitores (CRUZ et al. 2004).

A viabilidade do uso das variáveis canônicas em estudo sobre divergência genética, em gráficos de dispersão, também esta restrita a concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis. Sua estimação requer o conhecimento da matriz residual, que em muitas condições experimentais, como aquelas inerentes a avaliação de banco de germoplasma ou coleta de dados em condições naturais, não estão disponíveis ou são de difícil estimação (CRUZ et al. 2004).

A importância relativa de cada variável canônica é também dada pela razão entre a variância por ela explicada e o total da variância disponível. Uma vez que há nas primeiras variáveis, a concentração de grande proporção da variância total, em geral referenciada como

acima de 80%, é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre progenitores em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas (CRUZ et al. 2004).

Identificam-se os caracteres de menor importância para a divergência genética entre o grupo de progenitores avaliados, como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas. Deste modo, quando uma variável canônica de menor variância, o maior coeficiente de ponderação está associado a um caráter já previamente descartado, tem-se optado por não fazer nenhum outro descarte com base nos coeficientes daquela variável canônica, mas prosseguir a identificação da importância relativa dos caracteres na outra variável de variância imediatamente superior (CRUZ et al. 2004).

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1. Material Vegetal e Avaliações**

Neste trabalho foram avaliados 75 acessos de *J. curcas* coletados em diferentes regiões do Brasil e três acessos oriundos do Camboja (Tabela 1). Os acessos pertencem ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG. O referido BAG foi implantado em novembro de 2008 seguindo o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de quatro plantas, no Campo Experimental de Araponga, MG (latitude 20° 39' S, longitude 42° 32' W e altitude 823 m).

Foram avaliados nove descritores morfo-agronômicos, referentes à fase juvenil da planta, em duas idades distintas: aos oito e aos 14 meses de campo. Os seguintes descritores foram avaliados: altura da planta (ALT) e da ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), número de ramos (NR), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP). ALT (cm) foi medida a partir do coleto até o ápice do ramo principal; DCP (cm) foi medido entre as duas extremidades laterais da planta; ALTR (cm) foi medida a partir do coleto, até a altura da primeira ramificação; NR foi avaliado por contagem de ramos emitidos a partir do coleto; DCL (mm) foi avaliado com paquímetro digital, a partir do coleto; CF (cm) foi medido do pecíolo até a ponta da folha; LF (cm) foi medida entre as duas extremidades da folha e TP (cm) foi medido da inserção com o caule à inserção com a folha. A razão CF/LF foi gerada a partir da divisão de CF por LF. De cada

progênie, a folha selecionada para as avaliações foi a mais nova e completamente expandida, geralmente a compreendida entre o terceiro ou quarto par de folhas.

Além dos descritores de crescimento acima, foram avaliados cinco outros de sementes como teor de óleo (Óleo), o peso de 100 sementes (PS), o comprimento (CS) e a largura das sementes (LS) e a razão CS/LS. Entretanto, estes cinco descritores foram avaliados nas correspondentes plantas matrizes que originaram as progênies, em razão de essas últimas não apresentarem ainda produção de frutos. Óleo foi determinado pelo método da Ressonância Magnética Nuclear (Oxford Instruments); PS (gramas) foi determinado pela pesagem de uma amostra aleatória de 100 sementes de cada matriz; CS e LS foram medidos com paquímetro digital (mm). A razão CS/LS foi gerada a partir da divisão de CS por LS.

**Tabela 1.** Descrição dos 78 acessos de *J. curcas*.

Acessos	Cidade da coleta	Acessos	Cidade da coleta
UFVJC 1	Santa Vitória-MG	UFVJC 41	Jales-SP
UFVJC 2	Santa Vitória-MG	UFVJC 42	Dourados-MS
UFVJC 3	Santa Vitória-MG	UFVJC 43	Matozinhos-MG
UFVJC 4	Santa Vitória-MG	UFVJC 44	São Carlos-SP
UFVJC 5	João Pinheiro-MG	UFVJC 45	Barra dos Bugres-MT
UFVJC 6	João Pinheiro-MG	UFVJC 46	Barra dos Bugres-MT
UFVJC 7	João Pinheiro-MG	UFVJC 47	Pirajái-SP
UFVJC 8	João Pinheiro-MG	UFVJC 48	Getulina-SP
UFVJC 9	João Pinheiro-MG	UFVJC 49	Bocaiúva-MG
UFVJC 10	João Pinheiro-MG	UFVJC 50	Bocaiúva-MG
UFVJC 11	João Pinheiro-MG	UFVJC 51	Rio Pomba-MG
UFVJC 12	João Pinheiro-MG	UFVJC 52	Barbacena-MG
UFVJC 13	Tauá-MG	UFVJC 53	Barbacena-MG
UFVJC 14	Olhos d'Água-MG	UFVJC 54	Barbacena-MG
UFVJC 15	Veredas-MG	UFVJC 55	Janaúba-MG
UFVJC 16	Jaíba-MG	UFVJC 56	Janaúba-MG
UFVJC 17	Montalvânia-MG	UFVJC 57	Janaúba-MG
UFVJC 18	Montalvânia-MG	UFVJC 58	Janaúba-MG
UFVJC 19	Montalvânia-MG	UFVJC 59	Janaúba-MG
UFVJC 20	Poções-MG	UFVJC 60	Pompéu-MG
UFVJC 21	Pedrinhas-MG	UFVJC 61	Santa Cruz do Sul-RS
UFVJC 22	Ipatinga-MG	UFVJC 62	Juiz de Fora-MG
UFVJC 23	Caratinga-MG	UFVJC 63	Novo Repartimento-PA
UFVJC 24	Caratinga-MG	UFVJC 65	Desconhecido
UFVJC 25	Caratinga-MG	UFVJC 66	Desconhecido
UFVJC 26	Arinos-MG	UFVJC 67	Desconhecido
UFVJC 28	Poté-MG	UFVJC 68	São Luís-MA
UFVJC 29	Poté-MG	UFVJC 70	Ariquemes-RO
UFVJC 30	Poté-MG	UFVJC 71	João Pinheiro-MG
UFVJC 31	Poté-MG	UFVJC 72	Camboja
UFVJC 32	Poté-MG	UFVJC 73	Camboja
UFVJC 33	Itaipé-MG	UFVJC 74	Camboja
UFVJC 34	Itaipé-MG	UFVJC 75	Bonfim-MG
UFVJC 35	Ervália-MG	UFVJC 79	Jordânia-MG
UFVJC 36	Serra da Ibiapaba-CE	UFVJC 80	Jordânia-MG
UFVJC 37	Janaúba-MG	UFVJC 81	Jordânia-MG
UFVJC 38	Petrolina-PE	UFVJC 82	Jordânia-MG
UFVJC 39	Natal-RN	UFVJC 83	Araras-SP
UFVJC 40	Formoso-TO	UFVJC 84	Petrolina-PE

## 4.2. Análises Estatísticas e Estimativas de Parâmetros Genéticos

As análises estatísticas e as estimativas de parâmetros genéticos pela metodologia de modelos mistos foram processadas com o *software* Selegen-REML/BLUP (RESENDE 2002), utilizando modelo para progênes de polinização livre, no delineamento em blocos completos casualizados, com várias plantas por parcelas para os descritores morfo-agronômicos, e o modelo inteiramente ao acaso, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela para os descritores de semente. Os parâmetros genéticos foram estimados para os nove descritores de crescimento das progênes e os cinco descritores de semente.

A análise de correlação genotípica entre os descritores, que envolve associações de natureza herdável, foi realizada com o *software* SAS (SAS INSTITUTE INC. 1989). Para tanto, foram utilizados os valores genotípicos de cada descritor obtidos das análises de modelos mistos das progênes.

A variabilidade genética foi quantificada em duas etapas. A primeira estimou uma medida de dissimilaridade entre os acessos através da distância generalizada de Mahalanobis (RAO 1952) sobre os nove descritores morfo-agronômicos estudados nos 78 acessos de *J. curcas*. Esta considera a correlação residual entre os descritores, sendo uma das medidas mais usadas nos estudos sobre divergência. Nesta etapa, as análises foram processadas no *software* Selegen-REML/BLUP (RESENDE 2002). Na segunda etapa, conforme DIAS (1998), sobre a matriz de dissimilaridade gerada foram aplicadas técnicas de agrupamento dos acessos pela similaridade. No método de Tocher, apresentado por RAO (1952), são gerados grupos cujas médias das distâncias intragrupos são menores que as distâncias médias intergrupos, formando-se então, grupos mutuamente exclusivos. Outro método de agrupamento utilizado nesta etapa o UPGMA, onde a delimitação dos grupos obedece aos chamados pontos de alta mudança de nível. Para processar essa segunda etapa foi empregado o *software* Genes (CRUZ 2006).

Os acessos também foram avaliados por variáveis canônicas, utilizando os valores genotípicos de cada descritor obtidos das análises de modelos mistos. Procurou-se entender a divergência do BAG em estudo, além de identificar os descritores mais importantes para determinação desta divergência e descartar os descritores redundantes. Nas primeiras variáveis, se concentram a grande proporção da variância total, em geral, referenciando como acima de 80%, se é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre progenitores em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas. Os caracteres de menor importância para a divergência genética entre o grupo de acessos avaliados são aqueles cujos coeficientes de

ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas (CRUZ et al. 2004).

A contribuição relativa dos caracteres para a divergência foi avaliada segundo o método de SINGH (1981), aplicado às estimativas de distância generalizada de Mahalanobis e pela estimativa dos autovetores associados às variáveis canônicas.

## 5. RESULTADOS

### 5.1. Descritores de Sementes

O teor médio de óleo encontrado nas sementes das matrizes que deram origem ao BAG de acessos de *J. curcas* foi de 31%, variando de 15,9 a 45,5% (Tabela 2). Os dez acessos com maior teor de óleo em suas sementes apresentaram no mínimo 35% de óleo, já os dez acessos com menor teor de óleo apresentaram no máximo 27,8% de óleo. Estes dados demonstram variabilidade para este importante descritor, haja vista que ele é o principal foco do programa de melhoramento. O descritor PS também apresentou variabilidade, variando de 44,6 g a 86,7g, com média de 63,2g (Tabela 2). As estatísticas descritivas para os demais descritores encontram-se na Tabela 2.

**Tabela 2.** Estatística descritiva para teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes e razão CS/LS, avaliados nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros estatísticos	Óleo (%)	PS (g)	CS (mm)	LS (mm)	CS/LS
Média	31,01	63,24	17,75	10,96	1,62
Erro padrão	0,24	0,62	0,06	0,03	0,004
Mediana	30,88	63,30	17,77	10,94	1,61
Moda	30,38	50,90	17,52	11,82	-
Desvio padrão	3,67	8,61	0,91	0,41	0,07
Variância	13,50	74,17	0,83	0,17	0,004
Curtose	1,25	-0,23	-0,53	-0,10	5,15
Assimetria	0,11	0,21	0,08	0,08	1,43
Intervalo	29,56	42,10	4,18	2,06	0,48
Mínimo	15,99	44,60	15,81	10,02	1,48
Máximo	45,55	86,70	20,00	12,08	1,96



Os cinco descritores de semente apresentaram considerável variabilidade genética, com destaque para PS (CVgi = 13,18%) e Óleo (CVgi = 8,85%). Os descritores CS, LS e CS/LS apresentaram coeficiente de variação genotípica de menor magnitude: 4,96%; 3,53% e 3,79%, respectivamente (Tabela 3). Todos os descritores apresentaram alto coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, no caso, PS (0,93), CS (0,92), LS (0,88), CS/LS (0,86) e Óleo (0,55).

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos para os descritores teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes, e a razão CS/LS avaliados nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros genéticos	Óleo	PS	CS	LS	CS/LS
$\hat{\sigma}_g^2$	7,52	69,44	0,77	0,15	0,00
$\hat{\sigma}_e^2$	6,05	5,47	0,07	0,02	0,00
$\hat{\sigma}_f^2$	13,56	74,90	0,84	0,17	0,00
$h_a^2$	0,55	0,93	0,92	0,88	0,86
CVgi%	8,85	13,18	4,96	3,53	3,79
CVe%	7,93	3,70	1,45	1,32	1,54
Média geral	31,01	63,24	17,75	10,96	1,62

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância residual;  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica;  $h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo; CVgi: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVe: coeficiente de variação residual.

## 5.2. Avaliação aos Oito Meses de Campo

### 5.2.1. Análise Descritiva

Aos oito meses de campo, as plantas se encontravam com valores médios de 46,88 cm de ALT; 1,37 NR; 8,37 cm ALTR; 38,54 cm de DCP; 38,20 mm de DCL; CF e LF com 11,39 e 11,66 cm, respectivamente, e TP de 11,51cm (Tabela 4).

**Tabela 4.** Estatística descritiva dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros estatísticos	ALT (cm)	NR	ALTR (cm)	DCP (cm)	DCL (mm)	CF (cm)	LF (cm)	CF/LF	TP (cm)
Média	46,88	1,37	8,37	38,54	38,20	11,39	11,66	0,98	11,51
Erro padrão	0,58	0,02	0,21	0,42	0,36	0,06	0,06	0,002	0,10
Mediana	48	1	8	40	41,4	11,5	12	1	11,5
Moda	57	1	7	42	44	12	12	1	12
Desvio padrão	19,40	0,78	3,42	12,89	11,91	1,60	1,63	0,07	2,86
Variância	376,26	0,61	11,72	166,19	141,78	2,55	2,64	0,005	8,15
Curtose	-0,75	9,16	3,45	0,01	-0,09	0,69	0,74	10,45	0,12
Assimetria	0,02	2,68	1,50	-0,17	-0,88	-0,11	-0,12	1,13	0,03
Intervalo	100	6	21	75	55,71	12,5	13	0,86	18
Mínimo	5	1	2	4	3	6	5,5	0,78	3
Máximo	105	7	23	79	58,71	18,5	18,5	1,64	21

### 5.2.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos

Os descritores ALT, NR, ALTR e DCL, apresentaram considerável variabilidade genética (Tabela 5), com destaque para ALTR ( $CV_{gi} = 17,95\%$ ), ALT ( $CV_{gi} = 16,32\%$ ) e NR ( $CV_{gi} = 16,16\%$ ). Os descritores DCP, LF, CF e TP apresentaram coeficiente de variação genotípica de menor magnitude, 7,40%, 7,83%, 7,84% e 7,89%, respectivamente. Os maiores coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito foram encontrados para CF (0,37), LF (0,35), DCL (0,25) e ALTR (0,21), com acurácias correspondentes de 75%, 74%, 60% e 68%, respectivamente. Baixos coeficientes de herdabilidade individual foram encontrados para TP, DCP e NR (Tabela 5).

**Tabela 5.** Estimativas de parâmetros genéticos dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros genéticos	ALT	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP
$\hat{\sigma}_a^2$	57,09	0,05	2,26	7,80	31,55	0,78	0,82	0,00	0,80
$\hat{\sigma}_p^2$	57,28	0,05	0,10	30,46	34,63	0,16	0,19	0,00	1,13
$\hat{\sigma}_e^2$	201,19	0,49	8,37	116,26	62,20	1,23	1,35	0,00	5,80
$\hat{\sigma}_f^2$	315,56	0,59	10,72	154,52	128,37	2,17	2,35	0,00	7,73
$h_r^2$	0,18	0,08	0,21	0,05	0,25	0,37	0,35	0,09	0,10
$h_{rj}^2$	0,22	0,09	0,21	0,06	0,34	0,39	0,38	0,10	0,12
$h_{mp}^2$	0,33	0,21	0,46	0,11	0,36	0,56	0,55	0,25	0,23
$h_{ad}^2$	0,18	0,07	0,17	0,05	0,28	0,32	0,31	0,07	0,09
$c^2$	0,18	0,09	0,01	0,20	0,27	0,07	0,08	0,04	0,15
Acurácia	0,57	0,46	0,68	0,34	0,60	0,75	0,74	0,50	0,48
CVgi (%)	16,32	16,16	17,95	7,40	14,90	7,84	7,83	2,16	7,89
CVgp (%)	8,16	8,08	8,97	3,70	7,45	3,92	3,92	1,08	3,94
CVe (%)	23,49	31,06	19,31	20,71	19,87	6,97	7,15	3,70	14,58
CVr	0,35	0,26	0,46	0,18	0,37	0,56	0,55	0,29	0,27
Média geral	46,30	1,38	8,37	37,71	37,69	11,26	11,53	0,98	11,34

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância genética aditiva;  $\hat{\sigma}_p^2$ : variância ambiental entre parcelas;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância residual;  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_r^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito;  $h_{rj}^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela;  $h_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênies;  $h_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela;  $c^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVgi: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp: coeficiente de variação genética entre progênies; CVe: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa.

### 5.2.3. Correlação Genotípica

Correlações genotípicas foram processadas entre os descritores morfo-agronômicos dos acessos e os descritores de semente avaliados nas plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas* (Tabela 6). As maiores correlações genotípicas positivas e altamente significativas foram observadas entre CF e LF (0,91), ALT e DCL (0,83) e DCP e DCL (0,74). Nenhuma correlação foi observada entre ALTR e LS (0,00), NR e Óleo (0,00) e NR e CS/LS (0,00).

Com relação ao teor de óleo (Óleo) nas sementes, as maiores correlações genótípicas foram observadas com DCL (0,21), ALT (0,18) e TP (0,16), todas positivas e não significativas. As menores correlações foram encontradas com ALTR (0,04), DCP (0,02) e CS (-0,03), nenhuma significativa, sendo negativa com CS. Como demonstra a Tabela 6, nenhum dos descritores estudados apresentou correlação genotípica significativa com o teor de óleo nas sementes. Com relação ao peso de 100 sementes (PS), as maiores correlações positivas e significativas ao nível de 1% de probabilidade foram encontradas com CS (0,82), LS (0,68), ALT (0,54) e LF (0,52).

**Tabela 6.** Correlação genética entre os descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos acessos e os descritores de semente teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura de sementes (LS), e razão CS/LS avaliados nas matrizes dos acessos de *J. curcas*.

Descritores	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP	Óleo	PS	CS	LS	CS/LS
ALT	0,13	0,15	0,70**	0,83**	0,54**	0,55**	-0,03	0,59**	0,18	0,54**	0,38**	0,25*	0,24*
NR		0,25*	0,45**	0,37**	0,08	0,05	0,05	-0,03	0,00	-0,18	-0,22	-0,31**	0,00
ALTR			0,18	0,15	0,14	0,13	0,02	0,14	0,04	0,23	0,06	0,00	0,08
DCP				0,74**	0,51**	0,46**	0,11	0,47**	0,02	0,23	0,10	-0,01	0,14
DCL					0,44**	0,41**	0,04	0,34	0,21	0,38**	0,20	0,12	0,14
CF						0,91**	0,17	0,58**	0,09	0,45**	0,41**	0,09	0,46**
LF							-0,25*	0,64**	0,06	0,52**	0,44**	0,17	0,42**
CF/LF								-0,14	0,06	-0,23	-0,06	-0,17	0,10
TP									0,16	0,48**	0,30**	0,30**	0,09
Óleo										0,13	-0,03	-0,12	0,06
PS											0,82**	0,68**	0,52**
CS												0,66**	0,69**
LS													-0,09

\*,\*\* significativo a 5% e 1%, respectivamente.

#### 5.2.4. Agrupamento

Através da matriz de distância generalizada de Mahalanobis gerada sobre os nove descritores morfo-agronômicos estudados aos oito meses de campo nos 78 acessos de *J. curcas*, foram realizados os agrupamentos pelo método de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA. As maiores distâncias foram verificadas entre os acessos 15 e 16 (83,94), 12 e 16

(81,53), e 11 e 16 (79,15) e as menores entre os acessos 25 e 54 (1,18), 31 e 51 (1,40) e 43 e 71 (1,52).

O método de agrupamento segundo Tocher, realizado com base nos dados da matriz de distância de Mahalanobis, possibilitou a separação dos acessos em três grupos (Tabela 7). O grupo I com a maioria dos acessos (76), seguido pelo grupo II (1) e o grupo III (1). As distâncias intra e intergrupos se encontram na Tabela 8, com menor distância intergrupo entre os grupos I e II, seguido pelos grupos I e III e II e III.

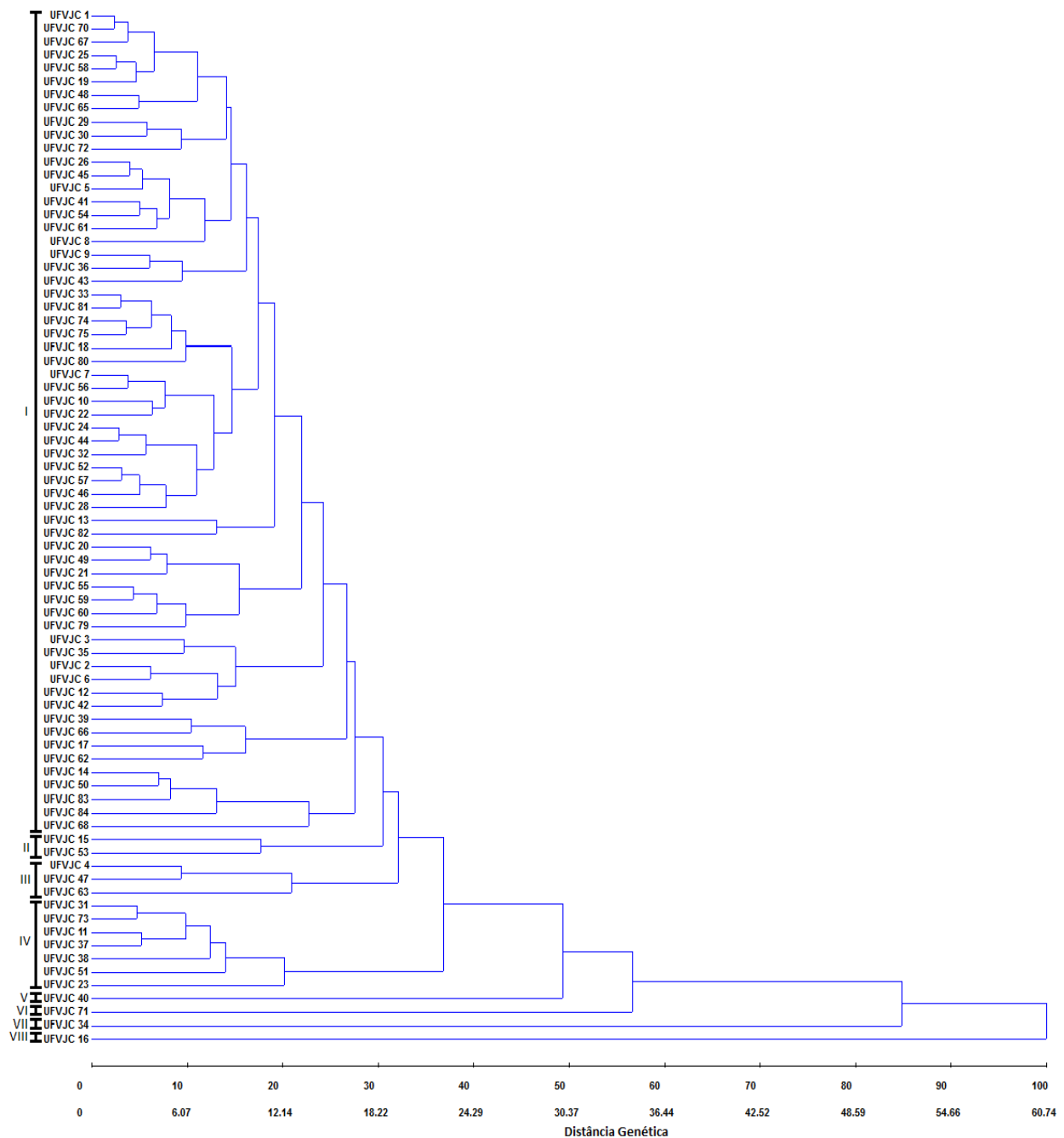
**Tabela 7.** Agrupamento dos 78 acessos de *J. curcas* pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis, em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos oito meses de campo.

Grupos	Acessos
I	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 28 29 30 31 32 33 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 65 66 67 68 70 71 72 73 74 75 79 80 81 82 83 84
II	34
III	16

**Tabela 8.** Média das distâncias intra e intergrupos formados pelo método de otimização de Tocher, para 78 acessos de *J. curcas* avaliados por nove descritores, aos oito meses de campo.

Grupos	I	II	III
I	15,9503	51,5616	60,165
II		0	104,693
III			0

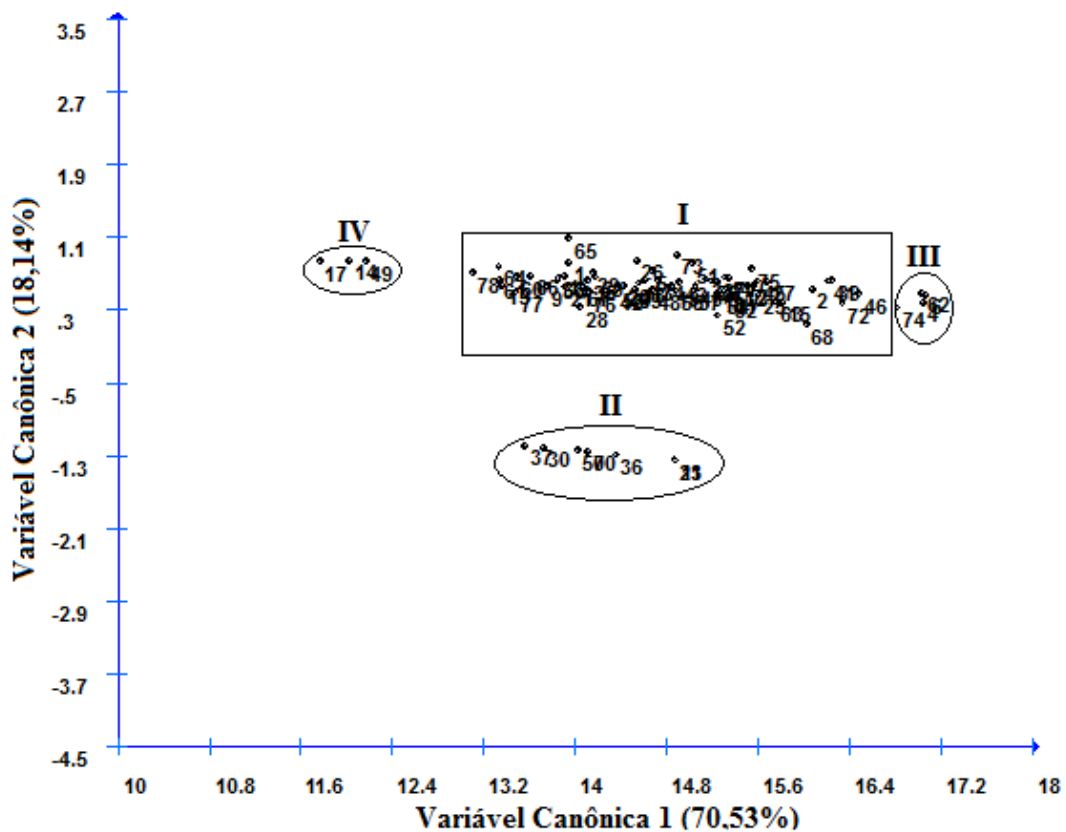
O dendrograma gerado pelo método hierárquico UPGMA, com base na matriz de distância de Mahalanobis, possibilitou a separação dos 78 acessos em oito grupos (Figura 7). O grupo I contendo a maioria dos acessos (62), seguido do grupo IV (7), III (3), II (2), V, VI VII e o grupo VIII, todos com um acesso cada.



**Figura 7.** Dendrograma de UPGMA a partir matriz da distância de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados em 78 acessos de *J. curcas* aos oito meses de campo.

#### 5.2.4. Variáveis Canônicas

A análise de variáveis canônicas, com base nos valores genotípicos dos nove descritores morfo-agronômicos estudados, evidenciou a variabilidade existente entre os 78 acessos do BAG de *J. curcas*. Foram formados quatro grupos distintos, o grupo I com a maioria dos acessos (66), seguido pelo grupo II (5), III (4), e IV (3) (Figura 8).



**Figura 8.** Plano formado pelas variáveis canônicas 1 e 2 representando a distribuição dos 78 acessos de *J. curcas*, em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos oito meses de campo.

### 5.2.5. Importância Relativa dos Descritores

A análise da importância dos nove descritores morfo-agronômicos avaliados, quantificada aplicando-se a metodologia de SINGH (1981) sobre os valores genotípicos de cada descritor, evidenciou que os descritores que mais contribuíram para a divergência no BAG de *J. curcas*, aos oito meses de campo, foram ALT (42,27%), DCL (30,82%) e ALTR (18,74%), e os que menos contribuíram foram TP (0,52%), NR (0,02) e CF/LF que não forneceu nenhuma contribuição (Tabela 9).

**Tabela 9.** Contribuição relativa dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) para a divergência dos 78 acessos de *J. curcas*, aos oito meses de campo utilizando a metodologia proposta por SINGH (1981) baseado na distância  $D^2$  de Mahalanobis.

Descritor	Valor (%)
ALT	42,27
DCL	30,82
ALTR	18,74
CF	2,82
LF	2,80
DCP	2,00
TP	0,52
NR	0,02
CF/LF	0,00

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 88,67% de toda variação (Tabela 10). No entanto, verificando a importância relativa da última variável canônica, observa-se que esta não teve contribuição na determinação da variabilidade. De acordo com a estimativa dos autovetores (Tabela 11), a ordem crescente de magnitude nos autovetores foi CF/LF, seguido de NR, TP, DCP, CF, DCL, ALTR e ALT.



**Tabela 10.** Estimativas dos autovalores associados às variáveis canônicas referente aos nove descritores morfo-agronômicos avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*, aos oito meses de campo.

Variáveis Canônicas	Autovalores	Autovalores (%)	Acumulada (%)
1	1,1943	70,53	70,53
2	0,3073	18,14	88,67
3	0,1121	6,62	95,29
4	0,0583	3,44	98,73
5	0,0134	0,79	99,52
6	0,0047	0,28	99,80
7	0,0031	0,19	99,99
8	0,0002	0,01	100,00
9	0,0000	0,00	100,00

**Tabela 11.** Estimativas dos autovetores ajustados associados às variáveis canônicas nos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP), avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*, aos oito meses de campo.

Variável Canônica	ALT	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP
1	0,7505	0,0040	0,1095	0,1295	0,6177	0,1112	0,1093	0,0000	0,0454
2	-0,0939	0,0064	0,9931	0,0066	-0,0680	0,0121	0,0118	0,0001	0,0057
3	-0,5433	0,0216	0,0062	0,0493	0,7474	-0,2298	-0,2689	0,0018	-0,1347
4	-0,3545	0,0096	-0,0384	0,1341	0,1748	0,6528	0,6249	0,0004	0,0872
5	-0,0306	0,0471	-0,0172	0,9639	-0,1355	-0,0301	-0,1751	0,0076	0,1322
6	-0,0662	0,0011	-0,0043	-0,0150	0,0590	-0,5880	0,4726	-0,0513	0,6482
7	-0,0399	-0,0411	-0,0017	-0,1743	0,0517	0,3991	-0,5181	0,0459	0,7307
8	0,0126	0,9977	-0,0058	-0,0556	-0,0114	0,0166	-0,0142	0,0037	0,0250
9	-0,0003	-0,0022	-0,0001	0,0000	0,0003	-0,0482	0,0498	0,9976	-0,0012

### 5.3. Avaliação aos 14 meses de campo

#### 5.3.1. Análise Descritiva

Aos 14 meses de campo, as plantas se encontram com valores médios de 119,32 cm de ALT; 3,33 NR; 15,19 cm ALTR; 74,87 cm de DCP; 57,52 mm de DCL; CF e LF com 12,59 e 14,00 cm, respectivamente, e TP de 14,98cm (Tabela 12).

**Tabela 12.** Estatística descritiva dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros estatísticos	ALT (cm)	NR	ALTR (cm)	DCP (cm)	DCL (mm)	CF (cm)	LF (cm)	CF/LF	TP (cm)
Média	119,32	3,33	15,19	74,87	57,52	12,59	14,00	0,91	14,98
Erro padrão	1,09	0,07	0,48	0,59	0,42	0,05	0,06	0,00	0,10
Mediana	124	3	10	73	59	12,5	14	0,90	15
Moda	129	2	9	65	67	12	13	1	16
Desvio padrão	36,37	2,45	14,15	19,82	14,11	1,84	2,15	0,10	3,29
Variância	1322,67	6,03	200,16	392,69	199,09	3,37	4,62	0,01	10,82
Curtose	-0,35	5,78	14,68	0,32	-0,30	-0,02	0,63	2,11	0,22
Assimetria	-0,13	2,01	3,12	0,34	-0,44	0,04	0,09	0,67	-0,13
Intervalo	214	19	135	129	88	13	16	0,81	21
Mínimo	11	1	2	12	14	5,50	5	0,60	4
Máximo	225	20	137	141	102	18,50	21	1,40	25

### 5.3.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos

Os descritores ALTR e TP apresentaram considerável variabilidade genética (Tabela 13), com coeficiente de variação genética aditiva individual de 19,80 e 13,36%, respectivamente. Os descritores DCP, ALT, NR e LF apresentaram coeficiente de variação genotípica de menor magnitude 3,44%, 6,25%, 7,07% e 7,67%, respectivamente. Os maiores coeficientes de herdabilidade individual no sentido restrito foram encontrados para TP (0,40), CF (0,40) e LF (0,27), com acurácias correspondentes de 78%, 79% e 71%, respectivamente. Baixos coeficientes de herdabilidade individual foram encontrados para NR, DCP, ALTR e ALT (Tabela 13).

**Tabela 13.** Estimativas de parâmetros genéticos dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*.

Parâmetros Genéticos	ALT	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP
$\hat{\sigma}_a^2$	54,70	0,06	8,71	6,60	25,24	1,27	1,14	0,00	3,99
$\hat{\sigma}_p^2$	272,67	0,54	8,86	45,94	45,15	0,04	0,21	0,00	0,32
$\hat{\sigma}_e^2$	876,00	4,99	177,18	336,95	113,19	1,87	2,84	0,01	5,79
$\hat{\sigma}_f^2$	1203,36	5,59	194,75	389,48	183,58	3,18	4,20	0,01	10,10
$h_a^2$	0,05	0,01	0,04	0,02	0,14	0,40	0,27	0,04	0,40
$h_{aj}^2$	0,06	0,01	0,05	0,02	0,18	0,40	0,29	0,04	0,41
$h_{mp}^2$	0,10	0,03	0,14	0,05	0,24	0,63	0,50	0,12	0,61
$h_{ad}^2$	0,04	0,01	0,04	0,01	0,14	0,34	0,23	0,03	0,34
$c^2$	0,23	0,10	0,05	0,12	0,25	0,01	0,05	0,06	0,03
Acurácia	0,31	0,17	0,37	0,22	0,49	0,79	0,71	0,35	0,78
CVgi%	6,25	7,07	19,80	3,44	8,81	8,98	7,67	2,22	13,36
CVgp%	3,13	3,53	9,90	1,72	4,41	4,49	3,83	1,11	6,68
CVe%	18,93	40,31	49,66	15,36	15,51	6,87	7,64	5,91	10,61
CVr	0,17	0,09	0,20	0,11	0,28	0,65	0,50	0,19	0,63
Média geral	118,33	3,33	14,91	74,64	56,99	12,54	13,94	0,91	14,94

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância genética aditiva;  $\hat{\sigma}_p^2$ : variância ambiental entre parcelas;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância residual;  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_a^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito;  $h_{aj}^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela;  $h_{mp}^2$ : herdabilidade da média de progênies;  $h_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela;  $c^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVgi: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa.

### 5.3.3. Correlação genotípica

Correlações genotípicas foram processadas entre os descritores morfo-agronômicos dos acessos e os descritores de semente avaliados nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas* (Tabela 14). As maiores correlações genotípicas positivas e altamente significativas foram observadas entre ALT e DCL (0,87), CF e LF (0,84) e PS e CS (0,82). As menores correlações genotípicas foram observadas entre ALT e CS/LS (-0,01), TP e CF/LF (-0,01) e Óleo e CF/LF (0,02), todas não significativas sendo as duas primeiras negativas.

Com relação ao teor de óleo (Óleo) nas sementes, as maiores correlações genótípicas foram observadas com DCL (0,22), TP (0,20) e ALT (0,20) todas positivas, embora nenhuma significativa. As menores correlações foram encontradas com CF/LF (0,02), CS (-0,03) e CS/LS (0,06), nenhuma significativa, sendo negativa para CS e positiva para as demais. Nenhum dos descritores estudados apresentou correlação genotípica significativa com o teor de óleo nas sementes (Tabela 14). Com relação ao peso de 100 sementes, as maiores correlações positivas e significativas ao nível de 1% de probabilidade foram encontradas com CS (0,82), LS (0,68) e CS/LS (0,52).

**Tabela 14.** Correlação genética entre os descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) avaliados nos acessos e os descritores de semente teor de óleo (Óleo), peso de 100 sementes (PS), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes, e razão CS/LS avaliados nas matrizes dos acessos de *J. curcas*.

Descritores	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP	Óleo	PS	CS	LS	CS/LS
ALT	0,18	0,35**	0,59**	0,87**	0,43**	0,35**	0,16	0,51**	0,20	0,33**	0,15	0,19	-0,01
NR		0,15	0,30**	0,18	0,04	-0,08	0,21	0,03	-0,08	0,28*	0,29**	0,17	0,22
ALTR			0,14	0,22	0,28**	0,25*	0,07	0,21	0,19	0,32**	0,31**	0,27*	0,14
DCP				0,61**	0,32**	0,30**	0,03	0,46**	0,07	0,30**	0,03	0,08	-0,04
DCL					0,44**	0,42**	0,07	0,47**	0,22	0,34**	0,12	0,19	-0,04
CF						0,84**	0,33**	0,39**	0,12	0,13	0,06	-0,11	0,19
LF							-0,22*	0,41**	0,13	0,11	0,05	-0,20	0,16
CF/LF								-0,01	0,02	0,09	0,09	0,02	0,10
TP									0,20	0,09	-0,10	0,12	-0,26*
Óleo										0,13	-0,03	-0,12	0,06
PS											0,82**	0,68**	0,52**
CS												0,66**	0,69**
LS													-0,09

\*,\*\* significativo a 5% e 1%, respectivamente.

#### 5.3.4. Agrupamento

Através da matriz de distância generalizada de Mahalanobis gerada sobre os nove descritores morfo-agronômicos estudados aos 14 meses de campo nos 78 acessos de *J. curcas*, foram realizados os agrupamentos pelo método de otimização de Tocher e o método hierárquico UPGMA. As maiores distâncias foram verificadas entre os acessos 16 e 74

(74,45), 16 e 46 (73,02) e 16 e 05 (73,06) e as menores distâncias foram verificadas entre os acessos 52 e 71 (0,92), 9 e 42 (1,77) e 22 e 25 (1,85).

O método de agrupamento segundo Tocher realizada com base nos dados da matriz de distância de Mahalanobis possibilitou a separação dos acessos em três grupos distintos (Tabela 15). O grupo I com a maioria dos acessos (76 acessos), seguido pelo grupo II (1 acesso) e o grupo III (1 acesso). As distâncias intra e intergrupos se encontram na tabela 16, com menor distância intergrupo entre os grupos I e II, seguido por I e III e II e III.

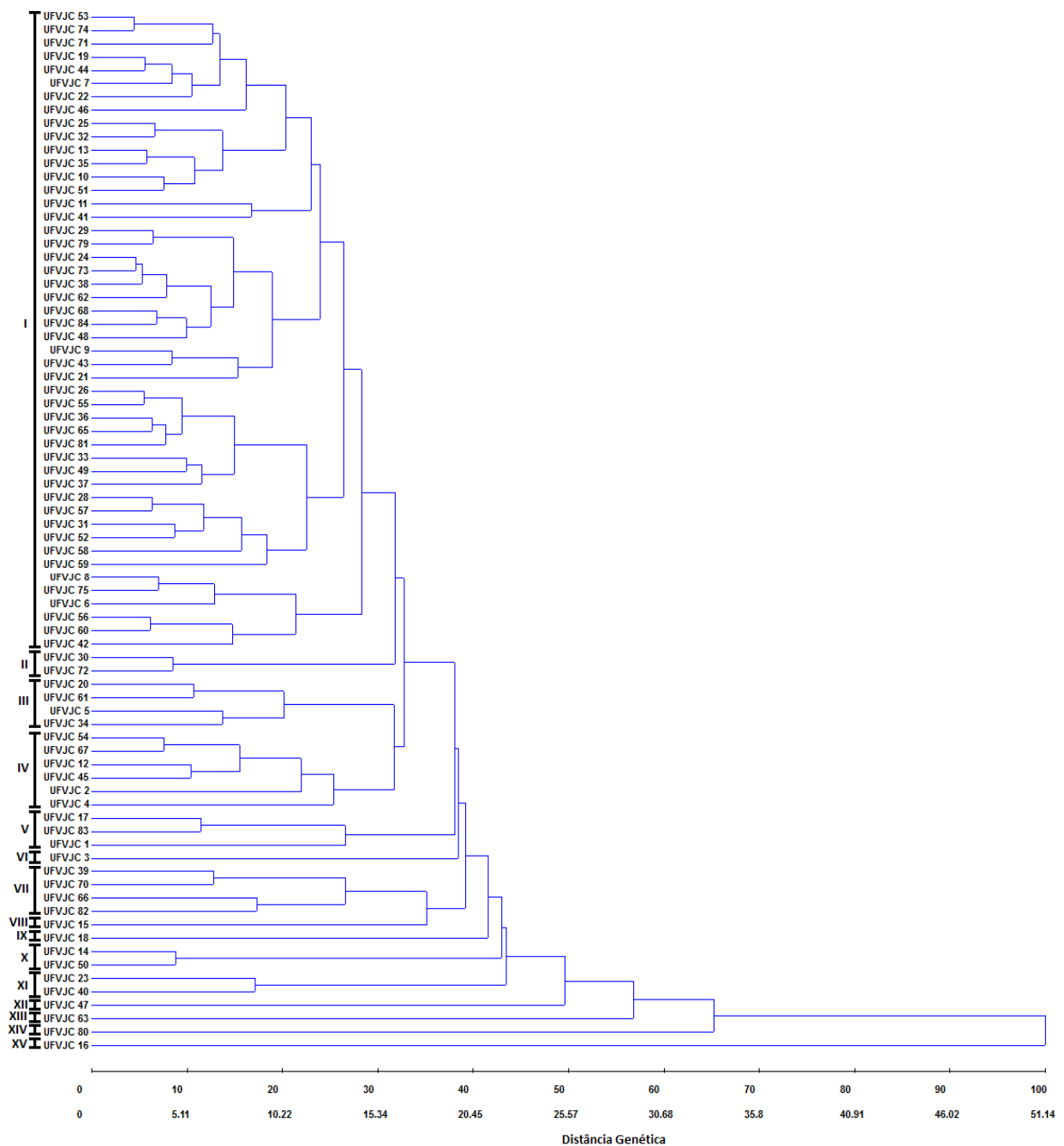
**Tabela 15.** Agrupamento dos 78 acessos de *J. curcas*, pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz de distância genéticas de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos 14 meses de campo.

Grupos	Acessos
I	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 65 66 67 68 70 71 72 73 74 75 79 81 82 83 84
II	80
III	16

**Tabela 16.** Média das distâncias intra e intergrupos formados pelo método de otimização de Tocher, para 78 acessos de *J. curcas* avaliados por nove descritores, aos 14 meses de campo.

Grupos	I	II	III
I	16,6941	33,3931	50,8369
II		0	74,4500
III			0

O dendrograma gerado por meio do método UPGMA, com base na matriz de distância de Mahalanobis, possibilitou a separação dos 78 acessos em 15 grupos (Figura 9). O grupo I contendo a maioria dos acessos (50), seguido do IV (6), III (4), VII (4), V (3), II (2), X (2), XI (2), VI, VIII, IX, XII, XIII, XIV e XV com um acesso cada.

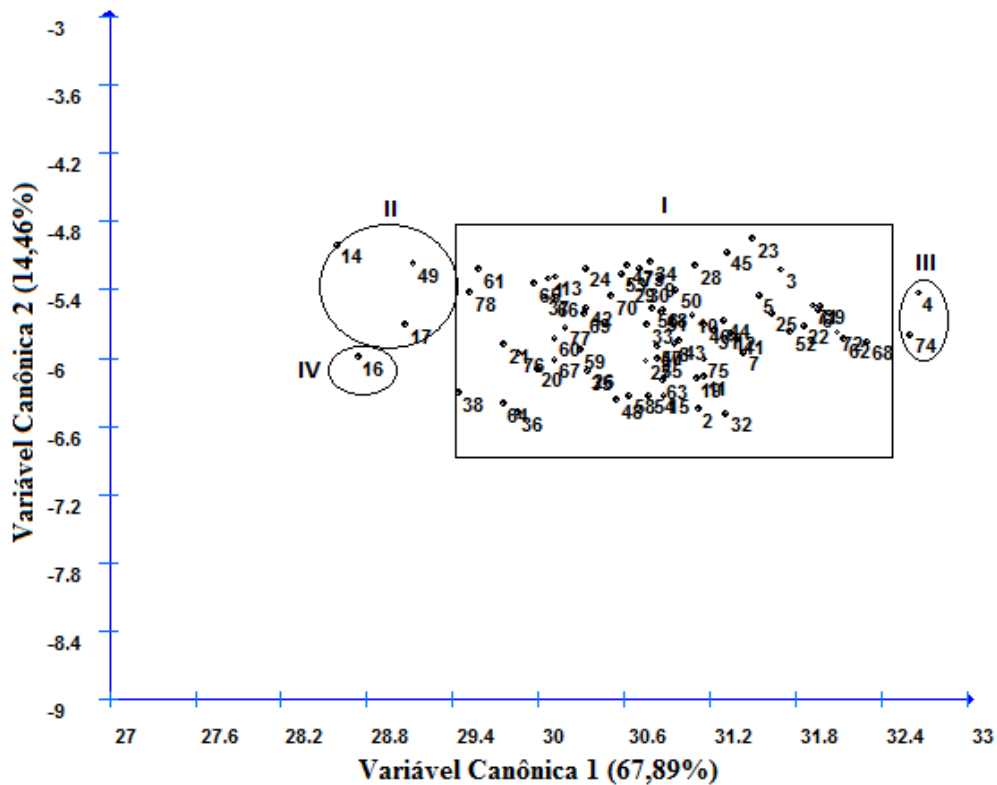


**Figura 9.** Dendrograma de UPGMA a partir matriz da distância de Mahalanobis em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados nos 78 acessos de *J. curcas* aos 14 meses de campo.

### 5.3.5. Variáveis Canônicas

A análise de variáveis canônicas, com base nos valores genotípicos dos nove descritores morfo-agronômicos estudados, evidenciou a variabilidade existente entre os 78 acessos do BAG de *J. curcas* analisados. Foram formados quatro grupos distintos, o grupo I

com a maioria dos acessos (72), seguido pelo grupo II (3), grupo III (2) e o grupo IV (1) (Figura 10).



**Figura 10.** Plano formado pelas variáveis canônicas 1 e 2 representando a distribuição dos 78 acessos de *J. curcas*, em relação aos nove descritores morfo-agronômicos estudados aos 14 meses de campo.

### 5.3.6. Importância Relativa dos Descritores

A análise da importância dos nove descritores morfo-agronômicos avaliados, quantificada aplicando-se a metodologia de SINGH (1981) sobre os valores genotípicos de cada descritor, evidenciou que os descritores que mais contribuíram para a divergência no BAG de *J. curcas* aos 14 meses de campo foram DCL (34,87%), ATL (24,64%) e TP (20,28%), e os que menos contribuíram foram ALTR (1,69%) e NR e CF/LF que não forneceram nenhuma contribuição (Tabela 17).

**Tabela 17.** Contribuição relativa dos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP) para a divergência dos 78 acessos de *J. curcas*, aos 14 meses de campo utilizando a metodologia proposta por SINGH (1981) baseado na distância  $D^2$  de Mahalanobis.

Descritor	Valor (%)
DCL	34,87
ALT	24,64
TP	20,28
CF	10,25
LF	6,54
DCP	1,73
ALTR	1,69
NR	0,00
CF/LF	0,00

As duas primeiras variáveis canônicas explicam 82,35% de toda variação (Tabela 18). No entanto, verificando a importância relativa das duas últimas variáveis canônicas, observou-se que estas não tiveram nenhuma contribuição na determinação desta variabilidade do BAG, pois, apresentam importância relativa igual a zero. De acordo com as estimativas dos coeficientes de ponderação dos autovetores (Tabela 19), a ordem crescente de magnitude nos autovetores foi CF/LF seguido de NR, DCP, LF, ALTR, ALT, CF, TP e DCL.



**Tabela 18.** Estimativas dos autovalores associados às variáveis canônicas, referentes aos nove descritores morfo-agronômicos avaliados nos 78 acessos de *J. curcas* L., aos 14 meses de campo.

Variáveis Canônicas	Autovalores	Autovalores (%)	Acumulada (%)
1	0,7010	67,89	67,89
2	0,1493	14,46	82,35
3	0,1068	10,34	92,69
4	0,0400	3,89	96,58
5	0,0139	1,35	97,93
6	0,0114	1,10	99,03
7	0,0101	0,97	100,00
8	0,0000	0,00	100,00
9	0,0000	0,00	100,00

**Tabela 19.** Estimativas dos autovetores ajustados associados às variáveis canônicas nos descritores morfo-agronômicos altura da planta (ALT), número de ramos (NR), altura de ramificação (ALTR), diâmetro da copa (DCP) e do caule (DCL), comprimento (CF) e largura foliar (LF), razão CF/LF e tamanho do pecíolo (TP), avaliados nos 78 acessos de *J. curcas*, aos 14 meses de campo.

Variável Canônica	ALT	NR	ALTR	DCP	DCL	CF	LF	CF/LF	TP
1	0,5619	0,0012	0,0492	0,1037	0,6790	0,2237	0,1657	0,0004	0,3642
2	-0,2521	-0,0022	0,0302	0,0042	-0,3871	0,3319	0,2980	-0,0004	0,7660
3	-0,1180	-0,0011	0,0379	-0,0352	0,0299	0,6783	0,5063	0,0009	-0,5159
4	0,7271	0,0025	0,2766	-0,0442	-0,5889	0,1546	-0,1183	0,0042	-0,0899
5	-0,1453	0,0002	0,8825	-0,1285	0,1094	-0,3020	0,2832	-0,0095	-0,0060
6	0,2140	-0,0076	-0,3105	0,2477	-0,1669	-0,5050	0,7137	-0,0208	-0,0620
7	-0,1058	0,0181	0,2083	0,9529	-0,0402	0,0969	-0,1533	0,0038	-0,0509
8	0,0004	0,9998	-0,0069	-0,0154	-0,0007	-0,0048	0,0096	0,0093	0,0014
9	0,0002	-0,0095	0,0001	0,0006	-0,0002	-0,0149	0,0181	0,9997	-0,0001

#### 5.4. PRECOCIDADE

Devido ao fato de que as plantas do BAG de pinhão manso estar em fase juvenil, não foi possível realizar avaliações dos descritores relacionados à floração e produção, pois, a maior parte das plantas ainda não floresceu. Como a floração é o primeiro passo para a propagação sexuada, uma avaliação visando observar plantas que iniciam precocemente o seu ciclo reprodutivo foi realizada, para eventuais futuros cruzamentos visando esta característica.

Com 12 meses de campo verificou-se que 8,97% dos acessos floresceram. Já com 13 meses de campo verificou-se que 43,59% dos acessos floresceram. Destaque para os acessos UFVJC 8 e UFVJC 16, UFVJC47, UFVJC 53, UFVJC 55, UFVJC 56 e UFVJC83, que iniciaram sua floração já com um ano de idade, evidenciando a presença de precocidade no BAG.

## 6. DISCUSSÃO

Trabalhos sobre coleta de germoplasma e avaliação do crescimento, morfologia, características da semente e características de rendimento em *J. curcas* estão ainda em seu início. O presente trabalho é o primeiro estudo aprofundado da variabilidade genética da espécie coletada de diferentes regiões do Brasil. Os resultados são importantes para o programa de melhoramento genético da espécie e para o registro de proteção de cultivares, ao determinar os descritores que mais contribuem para a divergência genética. No Brasil, os estudos com *J. curcas* são incipientes, tendo sido iniciados intensivamente nos últimos dois anos. Não existem ainda cultivares melhorados de pinhão manso registrados no ministério da agricultura (MAPA) para atender a demanda de plantio em escala comercial. Estudos visando à obtenção de descritores, estimar os parâmetros genéticos e avaliar a variabilidade genética nos acessos do Brasil podem ser úteis para auxiliar na obtenção de cultivares melhorados desta importante oleaginosa destinada a produção de biodiesel.

As progênies de *J. curcas* foram coletadas de diferentes regiões do Brasil e também do Camboja. Pela análise das sementes das plantas matrizes que deram origem ao BAG, o teor médio de óleo foi de 31% (Tabela 2), com ampla variabilidade (16% a 45%). Alta variabilidade também foi observada para peso de 100 sementes (44,60 a 86,70g), com média de 63,24g. Para os demais caracteres da semente, assim como obtido por GINWAL et al. (2005) e KAUSHIK et al. (2007), variações elevadas também foram encontradas (Tabela 2).

KAUSHIK et al. (2007) avaliando 24 acessos da Índia, encontraram um teor médio de óleo nas sementes de 33%, com variação de 28% a 38,8%, e peso médio de 100 sementes de 60,02g, com variação de 49 a 69g. RAO et al. (2008) avaliando 29 progênies também da Índia, observaram variação no teor de óleo de 29,85% a 37,05%, com média de 33,7% e variação no peso médio de 100 sementes de 56,98 a 79,09g, com média de 68,30g. WANI et al. (2006) avaliando 15 acessos da Índia encontraram teor médio de óleo de 31,42% (27,8 a 38,4%) e peso médio de 100 sementes 62,64g (44 a 77g). Todos estes autores encontraram valores de teor médio de óleo semelhante ao do presente trabalho, no entanto, a variação em

todos eles foi de menor magnitude. Portanto, o BAG da UFV contém alta variabilidade para o programa de melhoramento genético que visa o aumento da produtividade de óleo.

O teor de óleo e o rendimento de sementes de *J. curcas* variam consideravelmente e podem ser atribuídos a diversos fatores como genótipo, precipitação e fertilidade do solo (MISHRA 2009). Acessos do Brasil, avaliados neste trabalho, apresentaram maior variabilidade para teor de óleo quando comparado com os da Índia, México e África estudados por BASHA et al. (2009).

As análises descritivas realizadas (Tabelas 4 e 12) revelaram considerável variação nos nove descritores estudados. SILVA et al. (2008), trabalhando com 103 acessos provenientes de diferentes procedências do Brasil (Pernambuco, Tocantins, Paraíba, Ceará), El Salvador, Colômbia e África, aos seis meses após o plantio, obtiveram altura de planta variando de 16 a 167 cm, diâmetro do caule variando de 1,6 a 6,8 cm e o número de ramificações variou de 1 a 12 ramos. Variações semelhantes também foram encontradas no BAG da UFV, no entanto, estas são características altamente influenciadas pelo ambiente.

O pinhão manso produz inflorescências em gemas terminais, sendo a produção de frutos dependente de maior número de ramos (SATURNINO et al. 2005). Em razão das avaliações aos oito e 14 meses de campo, não foi realizada a poda nas plantas do BAG. A ausência de poda resultou em número médio de ramos relativamente baixo (3,33). Ainda neste inverno de 2010 será realizada a poda das plantas visando à proliferação dos ramos, visto que esta característica exerce forte influência na produção. Destaque para o acesso UFVJC 42 que apresentou a maior média (6) de número de ramos aos 14 meses de campo.

Entre os parâmetros genéticos que podem auxiliar o direcionamento da seleção de genótipos de *J. curcas* mais promissores, destacam-se a variância genética e a herdabilidade. O coeficiente de variação genético é outro parâmetro importante que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nos acessos para os descritores avaliados, possibilitando comparar os níveis de variabilidade genética presente em diferentes genótipos, ambientes e descritores.

Em *J. curcas* ainda são escassos os estudos das estimativas de parâmetros genéticos, principalmente devido ao baixo grau de melhoramento desta espécie (KAUSHIK et al. 2007). Estudos realizados por meio de marcadores moleculares em acessos da Índia e China (SUN et al. 2008) indicam baixa variabilidade genética.

As estimativas dos componentes que expressam a variabilidade genotípica são muito importantes em um programa de melhoramento. Quanto maior suas magnitudes, mais heterogêneos são os genótipos. Neste contexto, o coeficiente de variação genética aditiva

individual ( $CV_{gi}\%$ ) constitui um indicador valioso da grandeza relativa das mudanças possíveis que podem ser conseguidas em cada descritor, por meio da seleção. Neste trabalho, elevados  $CV_{gi}$  foram encontrados aos oito meses de campo para os descritores ALTR (17,95), ALT (16,32), NR (16,16) e DCL (14,90) (Tabela 5) e, aos 14 meses de campo, para os descritores ALTR (19,80) e TP (13,36) (Tabela 13). Para os descritores de semente, elevados  $CV_{gi}$  foram encontrados para PS (13,18) e Óleo (8,85) (Tabela 3). Os resultados indicam, de certa forma, a presença de variabilidade genética nos acessos, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção. Sendo o teor de óleo nas sementes o principal foco do programa de melhoramento de *J. curcas* da UFV, esta variabilidade nos permite obter avanços visando buscar um cultivar clonal com alto teor de óleo.

JUHÁSZ et al. (2009), avaliando os mesmos caracteres do presente trabalho, porém aos três e seis meses de campo, encontraram considerável variabilidade genética ( $CV_{gi}$  maior do que 14%), exceto para altura de plantas aos 6 meses ( $CV_{gi} = 5,44\%$ ) e, devido ao grande número de repetições, todas as características apresentaram elevada acurácia seletiva (acima de 72%) e boa confiabilidade ou herdabilidade da média de progênes (acima de 52%), exceto para número de ramos aos 3 meses.

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da porção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, sendo definida como a razão da variância aditiva pela fenotípica (BORÉM & MIRANDA 2009). Neste contexto, consideráveis coeficientes de herdabilidades no sentido restrito foram encontrados, aos oito meses de campo, para os descritores CF (0,37), LF (0,35) e DCL (0,25) (Tabela 5) e aos 14 meses de campo para os descritores CF (0,40), TP (0,40) e LF (0,27) (Tabela 13).

Estimativas de herdabilidade para caracteres de crescimento e de rendimento são escassos em pinhão manso. Essas estimativas em plantas perenes tendem a se reduzir com a idade devido aos efeitos ambientais, mascarando as diferenças genotípicas, notadamente. Há necessidade urgente do conhecimento dessas estimativas em progênes (RAO et al. 2008).

Para todos os descritores de semente estudados, elevados coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram observados. Peso de 100 sementes e teor de óleo apresentaram, respectivamente, 93,70% e 55,45% (Tabela 3). Aos dois anos de idade, RAO et al. (2008) encontraram alta herdabilidade no sentido amplo para teor de óleo (99%), peso de 100 sementes (93%) e largura da semente (77%). Em populações da Índia, KAUSHIK et al. (2007) encontraram elevadas estimativas de herdabilidade no sentido amplo para o peso de sementes (96%) e teor de óleo (99%). Estes dados evidenciam que possíveis ganhos de

seleção podem ser obtidos para estas características, visando a obtenção de genótipos com maior teor de óleo em suas sementes.

O conhecimento da associação entre características é de grande importância nos programas de melhoramento, principalmente se a seleção de um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de medição e identificação. Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganho para um deles por meio da seleção indireta no outro correlacionado. Em alguns casos a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a processos seletivos mais rápidos do que a seleção direta sobre o caráter desejado (CRUZ et al. 2004). No entanto, deve-se observar se o caráter correlaciona-se negativamente com alguns e positivamente com outros, como o observado no presente trabalho (Tabelas 6 e 14). Neste caso, deve-se tomar cuidado ao selecioná-lo, para não provocar mudança indesejável em outro. Além disso, é importante ressaltar que caracteres correlacionados de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que lhe são correlacionados e apresentam alta herdabilidade. Para os descritores de sementes em *J. curcas*, correlações positivas e altamente significativas foram observadas entre PS, CS e LS, em ambas as idades de avaliação (Tabelas 6 e 14). Diferentemente de GINWAL et al. (2004) e KAUSHIK et al. (2007), nenhuma associação genética foi detectada entre estes descritores e o teor de óleo nas sementes. Ausência de correlação entre LS e teor de óleo também foi encontrada por RAO et al. (2008). Não foi encontrada nenhuma associação genética entre os descritores estudados e o teor de óleo. No entanto, é importante frisar que as correlações foram realizadas sobre os valores genotípicos de cada descritor estudado, dando maior credibilidade ao trabalho em comparação aos demais citados. Além disso, com avaliações futuras com estes e novos descritores, quando a planta já tiver atingido o seu pico de produção (geralmente entre quatro e cinco anos de campo), espera-se maior definição neste cenário.

A análise multivariada da divergência (agrupamento e variáveis canônicas) é uma poderosa ferramenta para acessar a contribuição relativa de diferentes caracteres para a diversidade total, para quantificar o grau de divergência entre populações ou acessos e para escolha de parentais divergentes ou similares geneticamente. A distância generalizada de Mahalanobis foi à escolhida por levar em consideração a correlação entre os descritores considerados.

Pelo método de agrupamento de Tocher, em ambas as idades de avaliação, foram obtidos três grupos distintos, com o grupo I contendo 97% dos acessos. Com oito meses de campo destacou-se a divergência dos acessos UJVJC 34 e 16 (Tabela 7), e aos 14 meses de

campo a divergência do acesso UFVJC 80 e 16 (Tabela 15), sendo estes agrupados isoladamente. Ambas as épocas de avaliações destacaram a divergência do acesso UFVJC 16 em relação aos demais, agrupando-o isoladamente no grupo III. Estes acessos agrupados isolados, principalmente o UFVJC 16, se possuem características desejáveis, devem ser usados no programa de melhoramento visando heterose, para produção de híbridos, cruzando-o com os demais acessos.

DIAS et al. (1997) explicam que em estudos envolvendo elevados números de genótipos devem-se considerar os grupos ao invés dos genótipos individualmente. Assim, o melhorista deve basear-se nas distâncias intra e intergrupos para o direcionamento de seus trabalhos. As maiores distâncias médias intergrupo foram entre os agrupamentos II e III, em ambas as idades, pelo agrupamento de Tocher (Tabelas 8 e 16), sendo estes também indicados para iniciar cruzamentos controlados no programa de melhoramento.

O cruzamento entre acessos que possuem um grande número de alelos em comum, para um determinado caráter, é inadequado para produção de cruzamentos superiores devido à similaridade e ao baixo grau de melhoramento da espécie. Buscando heterose, os programas de melhoramento vêm recorrendo à hibridação de genitores com características desejáveis, visando reuni-las em um cultivar pela recombinação genética (CRUZ et al. 2004). Sendo assim, o cruzamento de genótipos divergentes, com diferenças de frequência nos locos considerados, é aconselhado. O agrupamento pelo método UPGMA, apresentou a formação de oito grupos distintos, aos oito meses (Figura 7), e 15 grupos distintos, aos 14 meses de campo (Figura 9), o que torna evidente a existência de variabilidade entre os acessos. Este agrupamento evidenciou, assim como no Tocher, a divergência do acesso UFVJC 16 em relação aos demais, em ambas as idades de avaliação. Entretanto, o UPGMA apresentou formação de maior número de agrupamentos em relação à Tocher, demonstrando através dos pontos de alta mudança de nível do dendrograma formado, ser mais apropriado para avaliar a diversidade genética do BAG.

SILVA et al. (2008) em 103 acessos aos seis meses de campo, observaram a formação de sete grupos pelo agrupamento de Tocher e seis por UPGMA

Visando heterose, recomenda-se o cruzamento entre acessos do grupo I com acessos dos demais grupos, visto que este agrupou a maioria dos acessos. Por outro lado, caso o objetivo do programa de melhoramento seja a recuperação de caracteres de algum acesso importante, recomenda-se o retrocruzamento entre acessos mais similares e, portanto, entre aqueles acessos do mesmo grupo. Pode-se também selecionar genótipos divergentes para produção de linhagens e a partir das linhagens obter os híbridos. Outra maneira é selecionar

genótipos divergentes, possivelmente com alta média de teor de óleo, para produção direta dos híbridos através da clonagem. Obtidos os híbridos com alta heterose, DIVAKARA et al. (2009) relatam que o processo de multiplicação por meio de clonagem pode auxiliar no desenvolvimento de clones de *J. curcas*, uma vez que métodos de propagação vegetativa são facilmente aplicados para esta espécie.

Na primeira avaliação pelo método UPGMA, verificou-se a formação de oito grupos distintos, sendo o grupo I com 79,49% dos acessos e quatro grupos com um acesso apenas. Já na segunda avaliação, verificou-se a formação de 15 grupos distintos, sendo o grupo I com 64,10% dos acessos e sete grupos com um acesso apenas. Desta maneira, ficou evidenciado que com o passar dos meses e com novos descritores, os agrupamentos mudaram, mostrando a necessidade de avaliação em épocas distintas e com o máximo de descritores que contribuam para o estudo da diversidade. Para a obtenção de descritores visando o registro de proteção de cultivares é necessário a avaliação dos descritores em estágio de desenvolvimento definido e no mínimo em dois ciclos da cultura. É importante lembrar que o *J. curcas* atinge seu potencial de produção somente a partir do quarto ano de campo.

Analisando o teor médio de óleo de cada acesso, nota-se, no grupo I, em ambas as épocas de avaliação, um predomínio dos acessos com maior teor médio de óleo. Com oito meses de campo, 10 dos acessos com maior teor médio de óleo, oito deles foram agrupados no grupo I, já com 14 meses de campo, sete deles foram agrupados no grupo I. É importante lembrar que na análise de agrupamento não foram usados os descritores de semente, somente os descritores morfo-agronômicos, já que as análises de semente foram nas matrizes que deram origem aos acessos do BAG. No entanto, como o foco do programa é o teor de óleo, seria interessante selecionar como genitores, dois acessos com alto desempenho, ou seja, alto teor de óleo em suas sementes, porém, geneticamente distantes entre si, contribuindo com um arranjo genético diferente e mais proveitoso. Neste contexto, o trabalho apresentado, revelou que alguns dos acessos com alto teor de óleo foram agrupados separadamente, e o cruzamento entre estes deve ser explorado pelo programa de melhoramento da UFV, podendo-se obter progênies com alta média de teor de óleo.

Outra maneira de se estudar a variabilidade entre os acessos do BAG de *J. curcas* foi processar análise de variáveis canônicas. Também foi utilizada para identificar os descritores redundantes e, principalmente, fornecer escores para representação gráfica bidimensional (Figuras 8 e 10) e da variação entre os acessos. Esta análise leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres

avaliados, além de recuperar informações em nível de indivíduos que são perdidas nas análises de agrupamento como Tocher e UPGMA, usadas neste trabalho.

CRUZ et al. (2004) relatam que uma vez que exista nas primeiras variáveis, a concentração de grande proporção da variância total, em geral referenciada como acima de 80%, é viável o estudo da divergência genética por meio de gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas. Neste contexto, 88,67% e 82,35% da variação total foram explicadas pelas duas primeiras variáveis canônicas, para descritores avaliados aos oito e 14 meses de campo, respectivamente (Tabelas 10 e 18). O agrupamento formado pelas duas primeiras variáveis canônicas apresentou, aos oito meses de campo e aos 14 meses de campo, quatro grupos distintos, sendo que em ambas as idades o grupo I agrupou a maioria dos acessos com 84,62% e 92,31% respectivamente. O cruzamento entre os acessos dos diferentes grupos com o do grupo I poderia resultar em heterose.

Observando as Figuras 8 e 10, nota-se que não houve concordância entre as análises de Tocher e UPGMA com a análise de variáveis canônicas, em termos de diferentes agrupamentos, apesar destas utilizarem métodos de análises diferentes. Portanto, para que haja eficiência na determinação dos agrupamentos e assim ser congruente na análise de variáveis canônicas recomenda-se a utilização de mais descritores em futuras avaliações. Para os descritores avaliados aos oito e aos 14 meses de campo, o agrupamento por UPGMA foi o que obteve maior eficiência na discriminação da divergência entre os acessos.

A análise de variáveis canônicas permitiu identificar os descritores redundantes, ou seja, aqueles que pouco influenciaram na discriminação dos acessos. Para tanto, foram considerados as correlações entre os mesmos, assim como a importância agrônômica destes descritores para o programa de melhoramento. O descarte de descritores redundantes permite a otimização do conjunto original, significando redução de custos, mão-de-obra e tempo gasto na avaliação de acessos (DIAS et al. 2007).

Avaliando a contribuição relativa dos descritores para a divergência com base em SINGH (1981) (Tabelas 9 e 17) verificou-se que as maiores contribuições foram de ALT e DCL, nas duas épocas de avaliação. É interessante observar que aos oito meses, o descritor ALTR contribuiu com 18,74 da variação total e aos 14 meses de campo com 1,69%. O mesmo pode ser observado para TP que, aos oito meses, contribuiu com apenas 0,52% da variação total e aos 14 meses de campo com 20,28%. Estes resultados nos mostram que os descritores variam em importância com a época de avaliação, evidenciando a necessidade de definir o melhor estágio de desenvolvimento da planta para que cada descritor seja avaliado. Esta



metodologia ainda observou a baixa importância relativa dos descritores NR e CF/LF, em ambas as épocas de avaliação.

Em ambas as épocas de avaliação, o descritor recomendado para descarte foi CF/LF, devido sua baixa contribuição em ambas as idades e em ambas as metodologias de descarte. No entanto, as avaliações foram realizadas no período juvenil, e sua contribuição deve ser avaliada em fases mais avançadas de desenvolvimento, pois, pode ser um descritor importante. O descritor NR, também obteve baixa contribuição na variação total. Contudo, este descritor é de extrema importância para a cultura, visto que, o pinhão manso produz sempre em ramos novos e a quantidade de ramos está ligada a produtividade. Altura de planta, como sugerido, apresenta potencial para seleção de genótipos de *J. curcas*. Para TOMINAGA et al. (2007), a produtividade (P) em gramas de cada ciclo de inflorescência é função multiplicativa do NR, do número médio de frutos por cacho (NFC), do número médio de sementes por frutos (NSF) estimado em 2,5 e do peso médio de semente (PMS), estimado em 0,6. Logo, a função tem a seguinte expressão:  $P = NR \times NFC \times NSF \times PMS$ , e evidencia a importância do descritor número de ramos. É necessário, contudo, continuar avaliando além do período juvenil, com cerca de quatro anos de duração, atingindo o período produtivo, para saber se essa situação se mantém.

Os três acessos do Camboja avaliados neste trabalho foram agrupados juntamente com os do Brasil, em ambas as épocas de avaliação e em todos os métodos de agrupamento. Este resultado pode ser o reflexo do processo de dispersão de *J. curcas*. Evidências indicam que o centro de origem de *Jatropha* é a América Central, mais especificamente o México. A partir do México, acessos foram introduzidos para os demais países da América Latina (incluindo Brasil) e posteriormente África e Ásia.

Neste trabalho, o padrão de agrupamento revelou que acessos de diferentes regiões geográficas foram conjuntamente agrupados. Estes resultados estão em conformidade com os obtidos por KAUSHIK et al. (2007), e indicam que a diversidade geográfica não necessariamente representa a diversidade genética entre os acessos coletados. Algumas forças como deriva genética, seleção em diferentes ambientes (MURTY & ARUNACHALAM 1996), intercâmbio de materiais e seleção artificial (ADAMS 1977, KATIYAR & SINGH 1979, JOSHI & VASHI 1992) podem gerar maior diversidade que a diversidade geográfica. Se tais forças atuam mais intensamente que o isolamento geográfico, então, a distância geográfica pode não expressar a verdadeira diversidade genética.

Para DIAS et al. (2007) a limitação de tempo, recursos financeiros, pessoal e área, exigem que os recursos genéticos promissores para melhoramento recebam prioridade de

preservação. Enquanto acessos pertencentes a diferentes grupos de similaridade devam ser preservados, aqueles que compõem o mesmo grupo devem ser descartados ou intercambiados com outras instituições detentoras de germoplasma da espécie. Então a divergência genética entre acessos, avaliada por estatísticas multivariadas, pode proporcionar uma descrição sintética da afinidade fenética e genética entre acessos e populações.

A existência de variabilidade genética é importante para evolução das espécies e, também, para que através do melhoramento genético sejam obtidas novas combinações de maior interesse para o homem. Devem-se considerar ainda que as necessidades humanas variam com o tempo, de modo que demandas futuras para características específicas podem ser diferentes das atuais. Assim, é fundamental que tenhamos variabilidade suficiente para atender os requisitos exigidos nos programas de melhoramento (RAMALHO et al. 2008).

O conhecimento sobre variação genética é útil para a seleção genética, especialmente em uma cultura onde o ideotipo ainda está por ser definido, devido à ampla adaptabilidade e padrão de uso final de *J. curcas*. O conhecimento da variação genética em padrão de ramificação, flores femininas em relação a flores masculinas, resistência a pragas, resistência à seca e atributos de produtividade em germoplasma silvestre de *J. curcas* pode ser de grande importância em programas de melhoramento, principalmente em seleção de genótipos para maior teor de óleo e rendimento (RAO et al. 2008). BEKELE (1993) evidenciou que descritores reprodutivos, especialmente referentes à flor, são mais úteis, em termo de taxonomia, do que os vegetativos. É provável que isto seja devido à maior pressão de seleção e ao melhor controle genético dos primeiros durante o processo evolutivo.

O estudo de descritores visa, entre outros objetivos, determinar em que época as plantas mais se diferenciaram e fazer o descarte daqueles redundantes. É importante ressaltar que um descritor avaliado aos 14 meses, por exemplo, pode se comportar diferentemente aos 24 meses. Deste modo, se faz necessárias avaliações futuras dos descritores deste trabalho e também de novos descritores aqueles reprodutivos e produtivos em épocas distintas no BAG de *J. curcas* da UFV.

## 7. CONCLUSÃO

O presente trabalho é o primeiro estudo aprofundado da variabilidade genética da espécie coletada em diferentes regiões do Brasil. Ampla variabilidade com relação ao teor de óleo nas sementes foi encontrada, 16 a 45% com média de 31%. Nenhuma correlação significativa foi encontrada entre os descritores estudados e o teor de óleo nas sementes das plantas matrizes dos 78 acessos de *J. curcas*. As evidências encontradas são promissoras

quanto à existência de diversidade genética entre os acessos de *J. curcas* do BAG da UFV. Estes resultados são importantes para continuidade dos trabalhos de melhoramento genético focado na obtenção de cultivares de elevada produção e teor de óleo.

Com relação aos parâmetros genéticos, elevados CV<sub>gi</sub> foram encontrados aos oito meses de campo para os descritores altura de ramos, altura de plantas, número de ramos e diâmetro do caule e, aos 14 meses de campo, para os descritores altura de ramos e tamanho do pecíolo. Para os descritores de semente, elevados CV<sub>gi</sub> foram encontrados para peso de 100 sementes e teor de óleo. Consideráveis coeficientes de herdabilidades no sentido restrito foram encontrados, aos oito meses de campo, para os descritores comprimento e largura foliar, e diâmetro de caule e aos 14 meses de campo para os descritores comprimento e largura foliar, e tamanho do pecíolo. Para todos os descritores de semente estudados, elevados coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram observados para peso de 100 sementes e teor de óleo. Estes parâmetros podem auxiliar no direcionamento da seleção de genótipos de *J. curcas* mais promissores. Os dados evidenciam que possíveis ganhos de seleção podem ser obtidos para estas características.

As análises multivariadas foram eficientes para determinar os grupos de divergência e assim auxiliar no melhoramento da espécie, sendo o próximo passo a escolha dos grupos e dentro deles a escolha dos acessos mais interessantes ao melhorista. Destaque para o acesso UFVJC 16 se mostrou distinto dos demais em todos os métodos de avaliação.

Para o presente trabalho, diversidade geográfica não necessariamente representa a diversidade genética entre os acessos estudados.

Para o registro de proteção de cultivares, os descritores que mais contribuíram para a divergência foram altura de planta (ALT) e diâmetro do caule (DCL), os demais descritores variam em importância com o passar do tempo. Estes resultados evidenciam que os descritores variam em importância com a época de avaliação, evidenciando a necessidade de definir o melhor estágio de desenvolvimento da planta para que cada descritor seja avaliado.

Avaliações futuras envolvendo os mesmos descritores estudados e outros relacionados ao ciclo reprodutivo (inflorescências masculinas, femininas e hermafroditas) e produtivo (número de cachos, número de frutos por cacho, número de sementes por frutos e produção) podem ampliar ainda mais o conhecimento da espécie e permitir o avanço do seu melhoramento.

## 8. REFERÊNCIAS

ADAMS MW (1997) An estimation of homogeneity in crop plants, with special reference to genetic vulnerability in the dry bean, *Phaseolus vulgaris* L. **Euphytica** 26(3): 665-79.

ALMEIDA CMVC, DIAS LAS (2001) Recursos genéticos. In: DIAS LAS (ed) **Melhoramento genético do cacauero**. FUNAPE, UFG, 163-216p.

ANP (2010) Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis. Disponível em: <<http://www.anp.gov.br/?id=472>> Acesso em: 16 maio de 2010.

ARRUDA FP, BELTRÃO NEM, ANDRADE AP, PEREIRA WE, SEVERINO LS (2004) Cultivo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) como alternativa para o semi-árido nordestino. **Revista brasileira de oleaginosas e fibrosas** 8(1): 789-799.

BARROS DM, VASCONCELOS EC (2001) Termelétricas a Lenha. In: MELLO MG (Ed) **Biomassa: Energia dos Trópicos em Minas Gerais**. LabMídia/FAFICH, Belo Horizonte, 221-224p.

BORÉM A, MIRANDA GV (2009) **Melhoramento de plantas**. 5 ed., Ed. UFV, Viçosa, 529p.

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

BASHA SD, FRANCIS G, MAKKAR HPS, BECKER K, SUJATHA M (2009) A comparative study of biochemical traits and molecular markers for assessment of genetic relationships between *Jatropha curcas* L. germplasm from different countries. **Plant Science** 176: 812-823.

BEKELE FL (1993). Use of botanical descriptors for cocoa characterization: CRU experiences. In: **International workshop on conservation, characterization and utilization of cocoa genetic resources in the 21<sup>st</sup> century, proceedings**. CRU/The University of the West Indies, St Augustine, 77-91p.

BEKELE FL, KENNEDY AJ, MC DAVID C, LAUCKNER FB, BEKELE I (1994) Numerical taxonomic studies cacao (*Theobroma cacao* L.) in Trinidad. **Euphytica** 75: 231-240.

BILICH F, DASILVA R (2006) Análise da produção de biodiesel utilizando multicritério. Disponível em <http://www.biodiesel.gov.br/docs/congressso2006/agricultura/AnalisePotencial.pdf>. Acesso em 14/05/2010.

BRASIL (1985) Ministério da indústria e do comércio. Secretaria de tecnologia industrial. **Produção de combustíveis líquidos a partir de óleos vegetais**. (Brasil. Ministério da Indústria e Comércio. Documentos, 16), Brasília, 364p.

BRASIL (2006) Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento (MAPA). **Plano nacional de agroenergia 2006-2011**. Brasília, 118p.

BRASIL (2008) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). **Legislação brasileira sobre proteção de cultivares**. Brasília, 148p.

BRASIL (2010) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Formulários para proteção de cultivares**. Disponível em [http://www.agricultura.gov.br/portal/page?\\_pageid=33,976115&\\_dad=portal&\\_schema=PORTAL](http://www.agricultura.gov.br/portal/page?_pageid=33,976115&_dad=portal&_schema=PORTAL). Acesso em 04/06/2010

BUENO LCS, MENDES ANG, CARVALHO SP (2001) **Melhoramento genético de plantas**. Ed. UFLA, Lavras, 319p.

CARVALHO DS, SANTOS PA, DUARTE SJ, FARIA GA, SILVA SA, SOUZA DR, LEITE V M (2009) Variabilidade genética em população de pinhão-manso (*Jatropha Curcas* L.) no primeiro ano de cultivo. In: **Anais 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. SBMP, Guarapari (CD-ROM).

CORTESÃO M (1956) **Culturas tropicais: plantas oleaginosas**. Clássica, Lisboa, 231p.

CRUZ CD (2006) **Genes versão 2006.4.1: programa Genes versão Windows**. UFV, Viçosa.

CRUZ CD, REGAZZI AJ, CARNEIRO PCS (2004) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ed., vol. 1, Ed. UFV, Viçosa, 480p.

CRUZ CD, CARNEIRO PSC (2006) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ed., vol.2, Ed. UFV, Viçosa, 586p.

CRUZ CD, FERREIRA FM, PESSONI LA (2008) **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. UFV, Viçosa, 395p.

DIAS LAS (1994) Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Teste (Doutorado)**, 94p. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz-ESALQ, Universidade de São Paulo-USP, Piracicaba.

DIAS LAS, KAGEYAMA PY, CASTRO GCT (1997) Diversidade fenética multivariada na preservação de germoplasma de cacau. **Agrotrópica** 9(1): 29-40.

DIAS LAS (1998) Análises Multidimensionais. In: ALFENAS AC (ed) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins, fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Ed. UFV, Viçosa, 405-475p.

DIAS LAS, LEME LP, LAVIOLA BG, PALLINI A, PEREIRA OL, CARVALHO M, MANFIO CE, SANTOS AS, SOUSA LCA, OLIVEIRA TS, DIAS DCFS (2007) **Cultivo de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) para produção de óleo combustível**. LAS Dias, Viçosa, 40p.

DIAS LAS, MULLER M, FREIRE E (2008) Potencial do uso de oleaginosas arbóreas em sistemas silvipastoris. In: FERNANDES EM, PACIULLO DSC, CASTRO CRT, MULLER MD, ARCURI PB, CARNEIRO JC (Org.) **Sistemas agrossilvipastoris na américa do sul: desafios e potencialidades**. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, 283-314p.

DIAS LAS, MISSO RF, RIBEIRO RM, FREITAS RG, DIAS PFS (2009) Agrocombustíveis: perspectivas futuras. **Bahia: Análise & Dados** 18(4): 539-547.

DIVAKARA BN, UPADHYAYA HD, WANI SP, LAXMIPATHI GOWDA CL (2009) Biology and genetic improvement of *Jatropha curcas* L.: a review. **Applied Energy** 87: 732-742.

ENGELS JMM (1993) The use of botanical descriptors for cacao characterization: CATIE experience. In: **International Workshop on Conservation, Characterization and Utilization of Cocoa Genetic Resources in the 21<sup>st</sup> Century, Proceedings**. The Cocoa Research Unit, Trinidad, 69-76p.

FALCONER DS (1989) **Introduction to quantitative genetics**. Logman, London.

FRANCIS G, EDINGER R, BECKER K (2005) A concept for simultaneous wasteland reclamation, fuel production, and socioeconomic development in degraded areas in India: need, potential and perspectives of *Jatropha* plantations. **Natural Resources Forum** 29: 12–24.

FREITAS RG, MISSIO RF, MATOS FS, SOUSA, LCA, RESENDE MDV, DIAS LAS (2009) Diversidade genética entre acessos de *Jatropha curcas* L. pertencente ao banco de germoplasma da UFV. In: **Anais III Congresso da Rede Brasileira de Tecnologia de Biodiesel**, ABPTI, Brasília.

GINWAL HS, RAWAT PS, SRIVASTAVA RL (2004) Seed source variation in growth performance and oil yield of *Jatropha curcas* Linn. in Central India. **Silvae Genetica** 53: 186-192.

GINWAL HS, PHARTYAL SS, RAWAT PS, SRIVASTAVA RL (2005) Seed source variation in morphology, germination and seedling growth of *Jatropha curcas* Linn. in Central India. **Silvae Genetica** 54: 76-80.

GOHIL RH, PANDYA JB (2008) Genetic diversity assessment in physic nut (*Jatropha curcas* L.) **International Journal of Plant Production** 2(4): 321-326

GOMES DM (2007) Variabilidade fenotípica de caracteres vegetativos e reprodutivos em populações de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth). **Dissertação (Mestrado)**, 72p. Instituto Agronômico de Campinas (IAC), Campinas.

HELLER J (1996) Physic nut (*Jatropha curcas* L.). **Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops 1**. IBPGR 161. Roma, IBPGR, 66p.

HENNING R (1996) **Combating Desertification: The Jatropha Project of Mali, West Africa**. Disponível em: <http://ag.arizona.edu/OALS/ALN/aln40/jatropha.html> Acesso em: jan de 2010.

HOLANDA A (2004) **Cadernos de Altos Estudos - biodiesel e inclusão social**. Câmara dos Deputados, Brasília, 189p.

JOSHI P, VASHI PS (1992) Mahalanobis generalized distance and genetic diversity in sorghum. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding** 52: 85-93.

JONES N, MILLER JH (1992) *Jatropha curcas*: a multipurpose species for problematic sites. **ASTAG Technical paper – Land resources**. World Bank, Washington (DC, USA) 1: 1–12.



JONGSCHAAP REE, CORRÉ WJ, BINDRABAN PS, BRANDENBURG WA (2007) **Claims and facts on *Jatropha curcas* L.: global *Jatropha curcas* evaluation, breeding and propagation programme.** Plant Research International B. V., Wageningen, 66p. (Report 158)

JUHÁSZ ACP, SOARES BO, PIMENTA S, RABELLO H, MORAIS DLB (2009) Parâmetros genéticos de 88 famílias de meios irmãos de *Jatropha curcas* na fase vegetativa. In: **Anais 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas.** SBMP, Guarapari (CD-ROM).

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

KATIYAR RP, SHING SP (1979) Genetic diversity in Chickpea. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding** 30(2): 354-358.

KOGA LJ, CANTERI MG, CALVO ES, UNFRIED JR, GARCIA A, HARADA A, KIIHL RAS (2008) Análise multivariada dos componentes da resistência à ferrugem-asiática em genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira** 43(10): 1277-1286.

LAVIOLA BG, DIAS LAS (2008) Teor e Acúmulo de Nutrientes em Folhas e Frutos de Pinhão-Manso. **Revista Brasileira de Ciência do Solo** 32: 1969-1975.

LAVIOLA BG, BHERING LL, ALBRECHT JC, MARQUES SS, SATURNINO HM MARANA J (2009) Diversidade genética em banco de germoplasma de pinhão manso. In: **Anais 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas.** SBMP, Guarapari (CD-ROM).

MACEDO RLG (2000) **Princípios básicos para o manejo sustentável de sistemas agroflorestais.** UFLA/FAEPE, Lavras, 157p.

MARQUES DA, FERRARI RA (2008) O Papel das Novas Biotecnologias no Melhoramento Genético do Pinhão Manso. **Palestra Biológico** 70(2): 65-67.

MISHRA DK (2009) Selection of candidate plus phenotypes of *Jatropha curcas* L. using method of paired comparisons. **Biomass and Bioenergy** 33: 542-545.

MELLO FDA, CARGNIN A, MÜLLER JA, ALBRECHT JC, VIEIRA EA (2009) Variabilidade genética em procedências de pinhão manso. In: **Anais 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. SBMP, Guarapari (CD-ROM).

MURTY BR, ARUNACHALAM V (1996) The nature of divergence in relation to breeding system in some crop plant. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding** 26(2): 188-98.

NETO MC (2007) **Pinhão-Manso: Características Botânicas**. Disponível em <<http://brasilbio.blogspot.com/2007/11/caractersticas-botnicas.html>> Acesso em 22/04/2010.

NETO FVB, LEAL NR, GONÇALVES LSA, FILHO LMR, JÚNIOR ATA (2010) Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agronômica**, 41(2): 294-299.

NOGUEIRA LAH, LORA EES, TROSSERO MA, FRISK T (2000) **Dendroenergia: fundamentos e aplicações**. ANEEL, Brasília, 144p.

PAULINO PVR, PORTO MO, OLIVEIRA AS, SALES MFL, MORAES KAK (2006) Interação lavoura pecuária: utilização do pasto e subprodutos. In: **Anais V Simpósio de Produção de Gado de Corte**. Viçosa 157-219p.

PEIXOTO AR (1973) **Plantas oleaginosas arbóreas**. Nobel, São Paulo, 284p.

PNPB (2010) Programa nacional de produção e uso do biodiesel. Disponível em <http://www.biodiesel.gov.br/>. Acesso em 30/03/2010.

QUEROL D (1993) **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido: abordagem técnica e socioeconômica**. AS-PTA, Rio de Janeiro.

RAO CR (1952) **Advanced statistical methods in biometric research**. John Wiley, New York, 390p.

RAO GR, KORWAR GR, SHANKER AK, RAMAKRISHNA YS (2008) Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* L. accessions. **Trees** 22: 697-709. DOI 10.1007/s00468-008-0229-4

RAM SG, PARTHIBAN KT, KUMAR RS, THIRUVENGADAM V, PARAMATHMA M (2008) Genetic diversity among *Jatropha* species as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution** 55:803–809 DOI 10.1007/s10722-007-9285-7

RAMALHO MP, SANTOS JB, PINTO CABP (2008) **Genética na agropecuária** 4 ed., Ed. UFLA, Lavras, 464p.

RESENDE MDV (2002) **Software Selegen-Reml/Blup**. Embrapa Floresta, Colombo, 67p.

SAS INSTITUTE INC (1989) **SAS/STAT user's guide: version 6**, 4<sup>th</sup> ed., vol. 2. SAS Institute Inc, Cary.

SATURNINO HM, PACHECO DD, KAKIDA J, TOMINAGA N, GONÇALVES NP (2005) Cultura do pinhão manso (*Jatropha curcas* L.). **Informe Agropecuário** 26:44-78.

SILVA SGA, SILVA FKG, DINIZ AL, ARRIEL NHC (2008) Caracterização da diversidade de acessos de pinhão manso. In: **Anais III Congresso Brasileiro de Mamona, Energia e Ricinoquímica**. Salvador (CD-ROM).

SIMMONDS NW (1981) Principles of characterization and evaluation. **International Conference on Crop Genetic Resources**. Report of the FAO/UNEP/IBPGR, Roma, 33-35p.

SINGH D (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics Plant Breeding** 41: 237-245.

SOUZA MAA (2006) Especificação técnica do biodiesel. In: CÂMARA, G. M.S.; HEIFFIG, L.S. (Eds.). In: **Anais Agronegócio de Plantas Oleaginosas: Matérias-primas para Biodiesel**. ESALQ/USP/LPV, Piracicaba, 7-23p.

SOUZA DA, SOARES BO, LIBRELON SS, MOREIRA GBR, GUIMARÃES JFR, FERNADES TP, PEREIRA GVN, NIETSCHÉ S, COSTA MR (2009) diversidade genética entre genótipos de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). In: **Anais 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. SBMP, Guarapari (CD-ROM).

SPINELLI VM, ROCHA RB, MARCOLAN AL, RAMALHO AR, JACOB JS, SILVA BLA, RIBEIRO RS, MILITÃO JSLT (2009) Caracterização da diversidade entre acessos de pinhão manso (*Jatropha curcas*) estruturados em famílias e procedências. In: **Anais 5º Congresso de Melhoramento de Plantas**. SBMP, Guarapari (CD-ROM).

SUN QB, LI LF, LI Y, WU GJ, GE XJ (2008) SSR and AFLP markers reveal low genetic diversity in the biofuel plant *Jatropha curcas* in China. **Crop Science** 48: 1865-1871.

TATIKONDA L, WANI SP, KANNAN S, BEERELLI N, SREEDEVI TK, HOISINGTON DA, DEVI P, VARSHNEY RK (2009) AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L., a biofuel plant. **Plant Science** 176: 505-513. doi:10.1016/j.plantsci.2009.01.006

TOMINAGA N, KAKIDA J, YASUDA EK (2007) **Cultivo de pinhão manso para produção de biodiesel**. CPT, Viçosa, 220p. (Série Agroindústria).

VICENTE MC, GUZMÁN FA, ENGLES J, RAMANATHA RAO V. (2005) Genetic characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. **The Role of Biotechnology** 5(7): 121-128.

WANI SP, OSMAN M, D'SILVA E, SREEDEVI TK (2006) Improved livelihoods and environmental protection through biodiesel plantations in Asia. **Asian Biotechnology and Development Review** 8(2):11-29.