

AGRUPAMENTO DE 10 FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS DE *JATROPHA CURCAS* DO GENÓTIPO DO “SETOR PRT”

Ana Cristina Pinto Juhász¹ Bruno Oliveira Soares², Danielle de Lourdes Batista Morais³, Samy Pimenta⁴, Hudson de Oliveira Rabello⁴, Marcos Deon Vilela de Resende⁵

Resumo: O pinhão manso é uma cultura que vem ganhando importância econômica nos últimos anos, devido a produção de óleo de suas sementes, que possui ótima qualidade para a fabricação de biodiesel. Porém, é uma planta ainda não domesticada, com vários problemas que precisam ser resolvidos. Desta forma, este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos relacionados a caracteres vegetativos de 10 famílias de meios irmãos de pinhão-manso, em Janaúba-MG. O delineamento foi o de blocos ao acaso, com 40 repetições e uma planta por parcela. Foram avaliadas as características altura de plantas, diâmetro do caule, número de ramos principais e projeção da copa aos três e seis meses após o plantio. A seleção precoce pode ser realizada aos três meses para as características altura de plantas e projeção de copa, podendo promover ganhos genéticos de 8 a 9% com a seleção de plantas superiores. Na análise multivariada, os 10 genótipos foram alocados em 7 grupos distintos, indicando variabilidade entre eles.

Termos de indexação: pinhão-manso, variabilidade genética, agrupamento.

Introdução

O Pinhão manso é uma espécie nativa do Brasil, da família das Euforbiáceas, é exigente em insolação e com forte resistência a seca. É uma cultura viável para pequenas propriedades rurais, com mão-de-obra familiar, sendo mais uma fonte de renda e emprego para a região. Configura-se uma alternativa atraente para produção de óleo para fins energéticos (ARRUDA, 2004).

As espécies vegetais perenes apresentam vários aspectos biológicos peculiares, que tornam o seu melhoramento genético bastante diferenciado do melhoramento de culturas anuais. Além de que a maioria das espécies perenes é alógama (menos de 5% de autofecundação) ou apresentam sistema reprodutivo misto sendo raras as autógamas. Desta forma, o sucesso de um programa prático de melhoramento genético de espécies perenes depende, fundamentalmente, de conhecimentos sólidos em: germoplasma e variação biológica entre e dentro de populações da espécie; metodologias de seleção e de melhoramento, destacando-se o emprego das técnicas de genética quantitativa (RESENDE, 2002).

Como o pinhão manso é uma espécie não domesticada, os trabalhos de melhoramento estão na fase inicial de desenvolvimento, e a literatura fornece apenas resultados iniciais relacionados a diversidade genética entre acessos de pinhão, como os desenvolvidos na Índia por Ginwal et al. (2004), Ginwal et al.(2005), Kaushik et al. (2007) e Rao et al. (2008) e no Brasil por Abreu et al. (2007 e 2009).

Este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos em uma população de dez famílias de meios irmãos de pinhão manso, pela avaliação de quatro características vegetativas avaliadas aos três e seis meses após o plantio.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido em parceria com a BIOJAN, em Janaúba-MG, no período de abril de 2008 a janeiro de 2009. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, com 10 tratamentos (famílias de meios irmãos), 40 repetições e uma planta por parcela. As plantas foram dispostas em linhas duplas, com espaçamento de 2 metros entre plantas, 3 metros entre linhas e 6 metros entre linhas duplas. As famílias de meios irmãos foram formadas a partir da seleção de plantas matrizes superiores do genótipo “Setor PRT”, conduzidas como uma população na Fazenda da BIOJAN. Nesta fazenda, várias populações são conduzidas separadamente de acordo com a origem dos genótipos.

¹ Doutora, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, E-mail: ana.juhasz@epamig.br

² Mestrando, Universidade Estadual de Montes Claros, E-mail: brunoosores@yahoo.com.br

³ Agrônoma, BIOJAN, E-mail: moraisdlb@yahoo.com.br

⁴ Graduando, Universidade Estadual de Montes Claros, E-mail: samypimenta@bol.com.br; hudsonorabelo@gmail.com

⁵ Phd, Universidade Federal de Viçosa, E-mail: marcos.deon@gmail.com

Os caracteres analisados aos três e seis meses de idade foram: Altura de Plantas (AP): Foi medido a altura da planta, em centímetros, compreendida entre a base do caule (solo) e a extremidade do ramo mais alto, aos 3 e 6 meses após o plantio; Diâmetro de Caule (DC): Foi medido o diâmetro do caule principal, em milímetros, com o auxílio de um paquímetro digital, a uma distância de 10 cm da base do caule, aos 3 e 6 meses após o plantio; Número de Ramos/Planta (NR): Foi contado o número de ramos principais ou primários que formam a copa da planta aos 3 e 6 meses após o plantio. Foram considerados como ramos principais aqueles inseridos no caule principal até uma altura de 40 cm da base do caule (solo); Projeção da Copa (PC): Foi medido o diâmetro da projeção da copa, em centímetros, na posição da entrelinha de plantio, aos 3 e 6, meses após o plantio.

A análise estatística foi baseada em modelos mistos do tipo REML/BLUP, empregando o software Selegen-Reml/Blup, conforme Resende (2000 e 2002). O modelo estatístico empregado foi o 19 (Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela) é dado por $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O agrupamento foi realizado pelo modelo 104 do mesmo software (Análise de agrupamentos genéticos: divergência genética), no qual a divergência genotípica foi calculada por meio da distância de Mahalanobis.

Resultados e Discussão

As características altura de plantas, número de ramos e projeção de copa aos três meses apresentaram considerável variabilidade genética (CV_{gi} acima de 9%) (Tabela 1). As outras características apresentaram baixa variabilidade (abaixo de 4,8%). Para nenhuma das características avaliadas foram encontrados valores de coeficiente de variação relativa (CV_r) acima da unidade, porém, devido ao grande número de repetições, as características altura de plantas e projeção de copa possuem boa acurácia seletiva (acima de 77%) e boa confiabilidade ou herdabilidade da média de progênies (acima de 60%), na avaliação aos três meses (Tabela 1). Na avaliação de caracteres vegetativos aos três meses, Abreu et al. (2007) encontraram valores semelhantes para altura de plantas de pinhão manso aos três meses, com uma acurácia de 75% e herdabilidade da média de progênies de 56%, em experimento conduzido no Mato Grosso do Sul. Ginwal et al. (2005), estimaram herdabilidade superior para altura de plantas (89%), quando as plantas foram avaliada aos seis meses de idade, em experimento conduzido na Índia. A herdabilidade de plantas individuais foi baixa para as características avaliadas neste experimento.

Na seleção precoce de 10 plantas superiores desta população, as características altura de plantas e projeção de copa podem alcançar ganhos genéticos em torno de 8 a 9%, respectivamente. Resta verificar se é desejável o incremento destas características, quando comparada a produção destas plantas.

Na análise multivariada, as famílias foram alocadas em vários grupos (Tabela 2), o que indica boa perspectiva na recombinação do genótipo “Setor PRT”. Nesta população, as plantas foram alocadas de forma aleatória em cada bloco para favorecer a recombinação entre elas. Desta forma, com avaliações futuras de produção e outras características, será possível utilizar seus descendentes para montar outras populações, com o objetivo de aumentar a média de características de interesse, sem perda de variabilidade genética.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos obtidos da análise de dez famílias de meios irmãos de pinhão-manso do genótipo “Setor PRT”, aos três e seis meses de idade, em relação às características: altura de plantas aos 3 e 6 meses (AP 3m e AP 6m), diâmetro do caule aos 3 e 6 meses (DC 3m e DC 6m), número de ramo aos 3 e seis meses (NR 3m e NR 6m) e projeção da copa aos 3 e 6 meses (PC 3m e PC 6m), Experimento conduzido em Janaúba-MG (abril de 2008 a janeiro de 2009).

Parâmetros*	AP 3m (cm)	AP 6m (cm)	DC 3 m (mm)	DC 6 m (mm)	NR 3 m	NR 6m	PC 3 m (cm)	PC 6 m (cm)
Va	27,8026	65,0870	1,0795	3,5506	0,0987	0,0024	30,2222	3,0012
Ve	152,4445	515,0025	45,8322	94,4807	1,5068	1,1737	179,6756	749,0285
Vf	180,2471	580,0895	46,9117	98,0313	1,6055	1,1761	209,8978	752,0296
h ² a	0,1542	0,1122	0,0230	0,0362	0,0615	0,0021	0,1440	0,0040
h ² mp	0,616025	0,5358	0,1879	0,2677	0,3843	0,0201	0,5990	0,0384
acurácia	0,7849	0,7320	0,4335	0,5174	0,6199	0,1419	0,7739	0,1960
CVgi%	9,8860	4,7742	3,8248	2,7446	9,1603	1,1563	9,1061	1,1146
CVe%	24,6816	14,0516	25,1416	14,3560	36,6674	25,5055	23,5620	17,6349
CVr	0,2003	0,1698	0,0761	0,0956	0,1249	0,0227	0,1932	0,0316
M	53,3360	168,9827	27,1640	68,6552	3,4289	4,2508	60,3715	155,4272
G %	8,02	3,66	-	-	-	-	9,08	-

Parâmetros*: Va: variância genotípica aditiva; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h²a: herdabilidade de plantas individuais h²mp: herdabilidade da média de progênes; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr = CVg/CVe: coeficiente de variação relativa; M: média geral; G%: ganho genético predito na seleção dos 10 melhores indivíduos em porcentagem.

Tabela 2. Agrupamento genético das famílias com base na distância genética de Mahalanobis e método multivariado mutuamente exclusivo de Tocher. Experimento conduzido em Janaúba-MG (abril de 2008 a janeiro de 2009).

Grupos genéticos	Famílias de meios irmãos
1	2, 4
2	5, 7, 3
3	1
4	6
5	8
6	10
7	9

Conclusões

Pode-se concluir que a seleção precoce neste experimento será eficiente para altura de plantas e projeção de copa aos três meses de idade. A análise multivariada alocou as famílias em sete grupos distintos, indicando haver variabilidade entre as famílias.

Agradecimentos

À BIOJAN, pela parceria formada, disponibilizando área para a execução do experimento, e ao pessoal de campo da BIOJAN, pela condução e auxílio nas avaliações dos experimentos.

Referências

- ABREU, F.B., RESENDE, M.D.V., FREITAS, F.B., BRENHA, J.A.M.B., ANSELMO, J.L. Variabilidade genética entre procedências de pinhão-manso na fase juvenil no MS. In: 4º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2007, São Lourenço-SP. **Resumos.**
- ARRUDA, F., BELTRÃO, N.E.M., ANDRADE, A.P., PEREIRA, W.E., SEVERINO, L.S. Cultivo de Pinhão Manso (*Jatropha curcas* L.) como alternativa para o semi-árido nordestino. **Rev. Bras. Ol. Fibrós.**, Campina Grande, v.8, n.1, p.789-799, jan-abr. 2004.

- CARVALHO, C.R., CLARINDO, W.R., PRAÇA, M.M., ARAÚJO, F.S., CARELS, N. Genome size, base composition and karyotype of *Jatropha curcas* L., an important biofuel plant. **Plant Science**, v. 174, p. 613–617, 2008.
- GINWAL, H.S., RAWAT, P.S., SRIVASTAVA, R.L. Seed source variation in growth performance and oil yield of *Jatropha curcas* Linn. In Central India. **Silvae Genetica**, v.53, n.4, 2004. p.186-192.
- GINWAL, H.S., PHARTYAL, S.S., RAWAT, P.S., SRIVASTAVA, R.L. Seed source variation in morphology, germination and seedling growth of *Jatropha curcas* Linn. In Central India. **Silvae Genetica**, v.53, n.2. p.76-80. 2005.
- KAUSHIK, N., KUMAR, K., KUMAR, S., KAUSHIK, N., ROY, S. Genetic variability and divergence studies in seed traits and oil content of *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.) accessions. **Biomass and Bioenergy**, v. 31, n.7, p.479-502, 2007.
- RAO, G.R., KORWAR, G.R., SHANKER, A.K., RAMAKRISHNA, Y.S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees**, v. 22, n. 5, p. 697-709, 2008.
- RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Documentos, 47).
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.