

PARÂMETROS GENÉTICOS DA PRIMEIRA PRODUÇÃO DE 88 FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS DE *JATROPHA CURCAS*

Bruno Oliveira Soares¹, Ana Cristina Pinto Juhász², Samy Pimenta³, Hudson de Oliveira Rabello³, Marcos Deon Vilela de Resende⁴, Márcia Regina Costa⁵, Danúbia Aparecida Costa Nobre³, Danuza Araújo de Souza³

Resumo: O Pinhão manso é uma oleaginosa 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. Desta forma, este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos relacionados a produção de plantas de um ano de 88 famílias de meios irmãos, selecionadas de plantas matrizes superiores, em Nova Porteirinha-MG. O delineamento foi o de blocos ao acaso, com 22 repetições e uma planta por parcela. Foi avaliado a produção total de sementes e o número médio de frutos/cacho, sementes/fruto e peso de semente a partir de quatro cachos individuais de cada planta. As características número médio de frutos/cacho e peso total de sementes/planta apresentaram considerável variabilidade genética e elevada acurácia seletiva, o que permite estimativas de ganhos genéticos em torno de 64% e 82%, respectivamente, com a seleção precoce de 10 plantas superiores. Termos de indexação: pinhão-manso, variabilidade, famílias de meios irmãos.

Introdução

O Pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) está sendo considerada uma opção agrícola para a região semi-árida brasileira por ser uma espécie nativa, exigente em insolação e com forte resistência a seca. Segundo Carnielli (2003), é uma planta oleaginosa viável para a obtenção do biodiesel, pois produz, no mínimo, duas toneladas de óleo por hectare, levando de três a quatro anos para atingir a idade produtiva, que pode se estender por 40 anos (ARRUDA, 2004).

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). Desta forma, é necessário estudos mais aprofundados nesta área para se ter avanço nos programas de melhoramento do pinhão.

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). Em relação ao genoma de *Jatropha curcas*, recentemente, Carvalho et al. (2008) mediram o tamanho do genoma, a composição de bases e o cariótipo de *J. curcas* por citometria de fluxo.

Este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos em uma população de 88 famílias de meios irmãos de pinhão manso, e agrupar as famílias por análise multivariada, pela avaliação de quatro características reprodutivas avaliadas aos 12 meses após o plantio.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do Gorutuba (FEGR), em Nova Porteirinha-MG, no período de julho 2008 a janeiro de 2009. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, com 88 tratamentos (famílias de meios irmãos), 22 repetições e uma planta por parcela. A seleção das plantas matrizes foi definida da seguinte forma: Foi feita uma seleção visual de plantas de pinhão manso adultas, de outros plantios na FEGR, que tiveram sua produção avaliada no período de novembro de 2007 a

¹ Mestrando, Universidade Estadual de Montes Claros, E-mail: brunoosoures@yahoo.com.br

² Doutora, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, E-mail: ana.juhasz@epamig.br

³ Graduando, Universidade Estadual de Montes Claros, E-mail: samypimenta@bol.com.br; hudsonorabelo@gmail.com
danubia_nobre@yahoo.com.br; danuzza19@yahoo.com.br

⁴ Pós-doutor, Universidade Federal de Viçosa, E-mail: marcos.deon@gmail.com

⁵ Doutora, Universidade Estadual de Montes Claros, E-mail: marciarcosta2003@yahoo.com.br

Apoio financeiro: FAPEMIG

junho de 2008. Desta forma, as plantas que produziram mais de um quilo por planta foram selecionadas para que fossem formadas as famílias de meios irmãos. As plantas foram dispostas em linhas, com espaçamento de 3 metros entre plantas e 4 metros entre linhas. Os caracteres analisados aos 12 meses de idade foram:

1. Produção total de sementes por planta em gramas;
2. Avaliou-se 4 cachos por planta para se obter:
 - a. número médio de frutos/cacho;
 - b. sementes/fruto
 - c. peso médio de uma semente

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 é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Para a análise de agrupamento, foi utilizado o modelo 104 do mesmo software.

Resultados e Discussão

As características número médio de frutos/cacho e peso total de sementes/planta apresentaram considerável variabilidade genética (CV_{gi} maior do que 22%), elevada acurácia seletiva (acima de 83%), boa confiabilidade ou herdabilidade da média de progênies (acima de 66%) e considerável herdabilidade de plantas individuais (acima de 37%) (Tabela 1). Desta forma, a seleção precoce dessas características pode incrementar eficientemente a produtividade dessas plantas, uma vez que no primeiro ano de cultivo, estas plantas ainda não alcançaram o seu máximo produtivo, e desta forma não é necessário se esperar chegar ao terceiro ano produtivo, por exemplo, para se realizar a seleção. Estimando-se o ganho genético por meio da seleção precoce das dez melhores plantas, o número médio de frutos/cacho terá um ganho genético de 64% e o peso total de sementes/planta, um ganho de 82%, valores muito significativos.

Para as características número médio de frutos/cacho e número médio de sementes/fruto houve reduzida variação genética entre as plantas das diferentes famílias, o que indica que são características pouco variáveis na cultura. Provavelmente não são boas características produtivas para realização de seleção precoce.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos obtidos da análise de 88 famílias de meios irmãos de pinhão-manso, aos 12 meses de idade, em relação às características: número médio de frutos/cacho, número médio de sementes/fruto, peso médio de semente e peso total de sementes/planta. Experimento conduzido em Nova Porteirinha-MG (julho 2008 a setembro de 2009).

Parâmetros*	Média de 4 cachos			
	Número médio de frutos/cacho	Número médio de sementes/fruto	Peso médio de semente	Peso total de sementes/planta
Va	4.14	0.003	0.001	9807.90
Ve	2.12	0.04	0.004	16453.66
Vf	6.26	0.04	0.005	26261.56
h ² a	0.66 +/- 0.12	0.06 +/- 0.04	0.21 +/- 0.07	0.37 +/- 0.08
h ² mp	0.66	0.27	0.56	0.69
acurácia	0.90	0.51	0.74	0.83
CV _{gi} %	21.85	2.03	4.68	37.56
CV _e %	24.53	7.93	9.81	58.52
CV _r	0.44	0.12	0.24	0.32
M	9.31	2.66	0.71	263.65

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

Verificou-se a formação de oito grupos distintos de famílias de meios irmãos (Tabela 2), sendo que a

maioria das famílias foram alocadas no grupo 1, o que implica em baixa divergência genética para essas famílias em relação as características reprodutivas avaliadas. O cruzamento entre indivíduos selecionados pertencentes as melhores famílias dos diferentes grupos é desejável, visando aumentar a variabilidade entre essas características nessas famílias.

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

Grupos genéticos	Famílias de meios irmãos
1	1 2 3 4 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 21 22 23 24 25 26 28 30 31 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 68 70 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 87 88 5 20 53 85
2	32 72 84 86
3	71 83
4	67
5	54
6	69
7	27
8	29

Conclusões

Pode-se concluir que a seleção precoce neste experimento será eficiente para número médio de frutos/cacho e peso total de sementes/planta. A seleção das melhores plantas poderá trazer altos ganhos genéticos para estas características.

Foram formados oito grupos genéticos, sendo que a maioria das famílias de meios-irmãos avaliadas foram alocadas em um mesmo grupo genético. Desta forma, recomenda-se a hibridação entre as melhores famílias do grupo 1 com as outras formadas nos outros grupos, para aumentar a diversidade genética dessa população.

Agradecimentos

Ao técnico agrícola Renato Soares de Faria, pelo auxílio na execução do experimento, e ao pessoal de campo da EPAMIG, Unidade Regional do Norte de Minas, pelo auxílio na condução 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.
- CARNIELLI, F. **O combustível do futuro**. 2003. Disponível em: <www.ufmg.br/boletim/bul1413>. Acesso em: 14 set. 2009.
- 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.