

Seleção de genótipos de pinhão-mansão para produção de biodiesel

Adriana de Souza Carneiro (Universidade de Brasília, adriana Carneiro95@hotmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (Universidade de Brasília, gabriel.cajado.f@gmail.com), Ana Clara Oliveira Comby (Universidade de Brasília, anacomby.acc@gmail.com), Eloisa Silva Gomes (Universidade de Brasília, geloisagomes@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (Universidade de Brasília, leonardos322@gmail.com), Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho (Universidade Federal do Piauí, jhessica.lanna@hotmail.com), Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@yahoo.com.br), Júlio César Marana (Embrapa Agroenergia julio.marana@embrapa.br), Laíse Teixeira da Costa (Embrapa Agroenergia, laise.costa@embrapa.br), Erina Vítório Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com)

Palavras Chave: *Jatropha curcas* L., variabilidade genética, distância de Mahalanobis.

1 - Introdução

A adoção de fontes de energias renováveis e a necessidade de sua diversificação de forma econômica e sustentável se faz presente no cenário atual. Dessa forma, o pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) é considerado uma oleaginosa com potencial para produção de biocombustível (LAVIOLA et al., 2014). É uma planta perene, que possui produção de 1.200 a 1.500 kg ha⁻¹ de óleo, tolerância à seca devido à característica caudicifolia e adaptação a solos degradados, arenosos e pouco férteis (LAVIOLA et al., 2017).

Entretanto, esta espécie ainda não é domesticada e alguns estudos apontam baixa diversidade genética entre os genótipos brasileiros, o que dificulta a produção desta cultura em larga escala (ROSADO et al., 2010). Desta forma, é necessário realizar estudos para conhecer e compreender a variabilidade genética desta cultura. Uma forma de realizar estes estudos é por meio da diversidade genética com base no fenótipo.

A diversidade genética é crucial para o desenvolvimento da produção em larga escala, aumenta a resistência a pragas e reduz a vulnerabilidade ao desenvolvimento de doenças pois a cultura torna-se ampla, evitando endogamia (STENBERG, 2017). O objetivo desse trabalho foi selecionar genótipos de pinhão-mansão com base na diversidade genética para constituir populações de melhoramento.

2 - Material e Métodos

O experimento foi instalado na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF situada a 15°35'30" S e 47°42'30" W, a 1.007 m altitude. O clima é tropical com inverno seco e verão chuvoso (Aw) segundo a classificação de Köppen, com temperatura média anual de 22 °C, umidade relativa de 73% e precipitação pluvial média de 1.100 mm. O solo predominante no local foi classificado como Latossolo Vermelho com alto teor de argila.

Avaliaram-se 70 famílias de pinhão-mansão em delineamento experimental de blocos ao acaso com seis repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 4 x 2 m. O manejo baseou-se em Dias et al. (2007). O caráter

avaliado foi a produção de grãos (PROD, g) no ano de 2016, o qual representa o segundo ano de produção.

Realizou-se análise de variância individual para verificar a existência de variabilidade entre os genótipos. Posteriormente, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D²), como medida de dissimilaridade, Tocher e ligação média entre grupos (UPGMA) para expressar graficamente a distância entre os genótipos. Para determinação do número ótimo de grupos foi utilizado o pacote *NbCluster*, implementado no software R. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos softwares GENES (Cruz, 2013) e R (R Core Team, 2018).

3 – Resultados e Discussão

Houve diferença significativa de ($p < 0,01$) para a produção de grãos, evidenciando que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados (Tabela 1) o que possibilita a seleção de genótipos superiores para essa característica. O coeficiente de variância (CV) foi de 38,92%, este valor é considerado alto. Entretanto, de acordo com a classificação de Pimentel Gomes (2009), experimentos em campo com plantas perenes podem obter CV (%) de até 40 e ainda assim serem considerados precisos.

Tabela 1. Análise de variância (ANOVA) da produção de grãos (PROD) de pinhão-mansão, Planaltina-DF, 2016.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio
		PROD
Blocos	5	1.398.419,23
Genótipos	69	2.671.938,61**
Resíduo	344	650.072,07
Média		2.071,74
CV(%)		38,92

GL: Grau de liberdade

Com base na distância generalizada de Mahalanobis e usando as médias dos grupos pelo método UPGMA formaram 4 grupos distintos com 4, 14, 33 e 19 genótipos, respectivamente (Figura 1).

O par de genótipos mais próximos foram o 3 e 4, onde não apresentaram distâncias entre eles, ou seja, D² = 0,

ambos estão no mesmo grupo devido à similaridade. Desta forma, não é indicado que sejam realizados cruzamentos entre estes genótipos, pois não há diferenças no desempenho agrônomicos dos mesmos, logo não haverá ganhos na seleção.

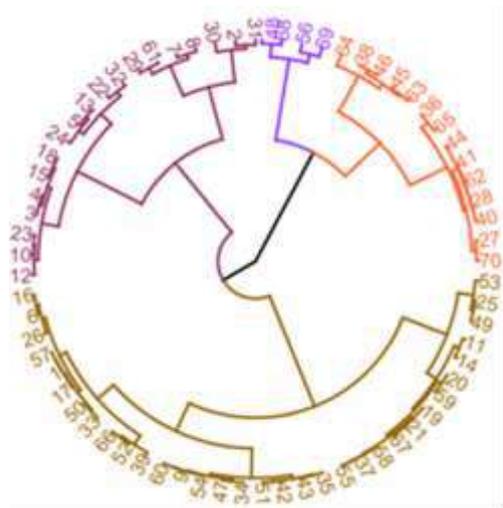


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 70 genótipos de pinhão-mansão, utilizando a distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA.

Tabela 2. Agrupamento de 70 genótipos de pinhão-mansão com base na distância de Mahalanobis e método de otimização de Tocher. Planaltina-DF, 2016.

GRUPOS	Genótipos
I	3, 4, 23, 10, 15, 18, 12
II	21, 67, 19, 37, 55, 58, 11
III	41, 62, 40, 28, 44, 27, 65
IV	6, 16, 17, 57, 1, 50, 33,
V	9, 60, 54, 34, 47, 51, 42, 35, 43
VI	38, 46, 45, 63
VII	5, 13, 24, 22
VIII	52, 66, 39
IX	25, 49, 53
X	29, 61, 7
XI	20, 59
XII	48, 68
XIII	2, 31
XIV	56, 69
XV	64
XVI	36
XVII	70
XVIII	14
XIX	26
XX	32
XXI	8
XXII	30

Os pares de genótipos mais distantes foram o 2 e o 48, com $D^2 = 10,17$ (Figura 1), é possível observar que estes

indivíduos foram alocados em grupos distintos, e, portanto é recomendado cruzamentos entre os mesmos, pois a possibilidade de manter e/ou aumentar a variabilidade genética nesta população é intensificada. Vale ressaltar que não seja feito cruzamentos entre genótipos do mesmo grupo, mas sim de grupos distintos.

O método Tocher separa os indivíduos em grupos de forma que a distância intragrupo seja menor do que a distância entre grupos. Desta forma houve uma separação dos genótipos analisados em 22 grupos distintos (Tabela 2), sendo que o grupo V obteve a maior quantidade de genótipos, totalizando nove indivíduos.

4 – Conclusão

Houve variabilidade para a produção de grãos. Os genótipos 2 e 48 são os mais divergentes, logo são recomendados para que realizem cruzamentos a partir dos mesmos, visando o ganho na seleção destes indivíduos.

5 – Agradecimento

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, Finep e Universidade de Brasília.

6 - Bibliografia

- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* **2013**, 35, 271-276.
- DIAS, L. A. S.; LEME, L. P.; LAVIOLA, B. G.; PALLINI FILHO, A.; PEREIRA, O. L.; CARVALHO, M.; MANFIO, C.E.; SANTOS, A. S.; SOUSA, L.C.A.; OLIVEIRA, T.S.; DIAS, D.C.F.S. Cultivo de pinhão manso (*Jatropha curcas*). Viçosa: UFV, **2007**. 40p.
- LAVIOLA, B. G.; RODRIGUES, E. V.; TEODORO, P. E.; PEIXOTO, L. A.; BHERING, L. L. Biometric and biotechnology strategies in *Jatropha* genetic breeding for biodiesel production. *Renewable and Sustainable Energy Reviews* **2017**.
- LAVIOLA, B. G.; SILVA, S. D. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; ROCHA, R. B.; OLIVEIRA, R. J. B.; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agrônomico e ganho genético pela seleção de pinhão manso em três regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **2014**, 49, 356-363.
- PIMENTEL GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. 15ª Ed. Piracicabana FEALQ, **2009**, 451p.
- R CORE TEAM. R: The R Project for Statistical Computing. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 16 de agosto. **2019**.
- ROSADO, T. B.; LAVIOLA, B. G.; FARIA, D. A.; PAPPAS, M. R.; BHERING, L. L.; QUIRINO, B.; GRATTAPAGLIA, D. Molecular Markers Reveal Limited Genetic Diversity in a Large Germplasm Collection of the Biofuel Crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. *Crop Science* **2010**, 50, 2372-2382.
- STENBERG, J. A. A Conceptual Framework for Integrated Pest Management. *Trends in Plant Science* **2017**.