

## VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROCEDÊNCIAS DE PINHÃO MANSO

Fernando Daminelli Araújo Mello<sup>1</sup>, Adeliano Carginin<sup>2</sup>, João Augusto Müller<sup>1</sup>, Julio Cesar Albrecht<sup>2</sup>, Eduardo Alano Vieira<sup>2</sup>

### Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética das procedências de pinhão manso através de caracteres agronômicos em experimento cultivado em condições do cerrado do Distrito Federal. O experimento foi conduzido em dois níveis de fertilidade do solo. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. Cada parcela foi constituída por uma única linha de dez plantas, totalizando 40 plantas por acesso. O espaçamento utilizado foi de 2 m entre plantas e 3 m entre linhas. Os caracteres agronômicos avaliados permitiram para o agrupamento das procedências de pinhão manso, contribuindo de forma diferenciada para a variabilidade. Os caracteres que mais contribuíram para a variabilidade foram número de cachos por planta e número de inflorescência por planta.

### Introdução

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) também conhecido como pinhão do Paraguai, purgueira, grão-de-maluco, pinhão-de-cerca, medicineira ou pinhão-do-inferno, pertence à família das Euforbiáceas, a mesma da mamona e da mandioca. É um arbusto grande, de crescimento rápido, com altura entre dois e três metros, podendo atingir até 5 metros (HELLER, 1996). Espécie altamente adaptável, com grande habilidade para crescer em solos secos e de baixa fertilidade, altamente tolerável à seca. Referências citam produtividade ente 3 e 4 t/ha, mas a carência de informações sobre a cultura a nível mundial está restringindo o plantio comercial desta espécie (BELTRÃO 2007; SEVERINO *et al.*, 2006).

Estudos a respeito da variabilidade genética apresentam grande relevância no melhoramento de plantas, por fornecerem parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam o aparecimento de cultivares superiores, além de facilitarem o conhecimento da base genética da população. Segundo Falconer (1981), a variabilidade genética de uma população segregante depende da diversidade genética entre os pais envolvidos nos cruzamentos.

No estudo da variabilidade genética, o grau de dissimilaridade entre os indivíduos dentro ou entre espécies, ou entre genótipos dentro de uma população melhorada, pode ser estimado por meio de técnicas multivariadas, como: análise de componentes principais, variáveis canônicas e análise de agrupamento (CRUZ & REGAZZI, 1997). Nesse contexto, a utilização da análise multivariada tem-se mostrado promissora, pois permite combinar todas as informações contidas na unidade experimental, de modo que as inferências sejam fundamentadas em um complexo de variáveis (FERRÃO *et al.*, 2002). Conforme Cruz & Regazzi (1997), a análise multivariada é um processo alternativo para a avaliação do grau de similaridade genética entre tratamentos, cujo princípio consiste em resumir um grande número de características em outro menor, facilitando as análises dos dados. Permite, também, conhecer a similaridade entre os indivíduos, por meio de suas distâncias e avaliar a importância de cada variável para a variação total observada entre as unidades amostrais, possibilitando a eliminação das que pouco contribuem para essa variação.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética entre 20 procedências de pinhão manso por meio de caracteres agronômicos em experimento cultivado em condições de cerrado do Distrito Federal.

### Material e Métodos

Foram avaliadas 20 procedências de pinhão manso oriundos de diferentes locais. Para isso foram obtidas amostras de sementes do germoplasma representativo dos indivíduos das populações naturais de cada um dos locais.

<sup>1</sup>Estudante de graduação, UPIS – Faculdades Integradas, SEP/Sul Eq. 712/912, Conjunto A, Brasília, DF, Cep 70390-125. E-mail: [nado\\_daminelli@hotmail.com](mailto:nado_daminelli@hotmail.com), [joaomuller21@hotmail.com](mailto:joaomuller21@hotmail.com)

<sup>2</sup>Pesquisador, Embrapa Cerrados, BR 020 km 18, Planaltina, DF, Cep 73310-970. E-mail: [adeliano@cpac.embrapa.br](mailto:adeliano@cpac.embrapa.br), [julio@cpac.embrapa.br](mailto:julio@cpac.embrapa.br), [vieiraea@cpac.embrapa.br](mailto:vieiraea@cpac.embrapa.br)

Os ensaios foram conduzido na forma de teste de procedência e instalado sob o delineamento experimental de blocos ao acaso com 4 repetições. Os experimentos foram instalados em janeiro de 2008, em Planaltina-DF, sob dois níveis de fertilidade do solo. Um nível alto de fertilidade (60% de saturação por base) representando condições favoráveis e um nível baixo (30% de saturação por base) representando condições desfavoráveis ao cultivo de pinhão manso. As parcelas foram constituídas por uma única linha de dez plantas cada, totalizando 40 plantas por procedência em cada um dos níveis de fertilidade. O espaçamento utilizado foi de 2 m entre plantas e 3 m entre linhas. As mudas foram produzidas por meio de semeadura em tubetes em condição de viveiro e transplantadas para o campo 50 dias após a emergência.

As características morfológicas e agronômicas avaliadas nas procedências de pinhão manso foram: produção de grãos (g/parcela), altura de planta (metro), diâmetro do caule (mm), número de ramos por planta, número de ramos com flor por planta, número de cachos por planta, número de frutos por cacho e incidência de doenças e pragas (presença/ausência). As variáveis foram mensuradas quando as plantas atingiram 12 meses após o transplante.

Para estimar a variabilidade genética entre as procedências foi utilizada a Distância de Mahalanobis ( $D^2_{ii}$ ), que considera a correlação residual entre os caracteres. Na delimitação dos grupos, utilizaram-se a técnica de otimização proposta por Tocher e o método hierárquico do vizinho mais próximo, citados por Cruz & Regazzi (1997). Foi estimada também a importância de cada variável para a variação total. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa GENES – Aplicativo computacional em genética e estatística da Universidade Federal de Viçosa (CRUZ, 2006).

## **Resultados e Discussão**

A análise da variabilidade genética entre as procedências de pinhão manso, com base em marcadores agronômicos possibilitou pelo método de agrupamento de Tocher a formação de seis grupos distintos de procedências (Tabela 1). O maior grupo formado foi o um com 13 procedências (CPAC – PM 015, CPAC – PM 014, CPAC – PM 016, CPAC-PM 020, CPAC – PM 009, CPAC – PM 008, CPAC-PM 012, CPAC – PM 007, CPAC – PM 011, CPAC-PM 017, CPAC – PM 013, CPAC – PM 018, CPAC-PM 005), o grupo dois com três (CPAC – PM 002, CPAC – PM 001, CPAC – PM 004) e os demais grupos com apenas uma procedência cada (três: CPAC – PM 006, quatro: CPAC – PM 010, cinco: CPAC – PM 019 e seis: CPAC – PM 003). A ocorrência de um grupo com mais de 60% das procedências pode indicar que pinhão manso apresenta pouca variabilidade ou está ocorrendo elevado fluxo gênico entre as microregiões de coleta das procedências avaliadas. Isto é passível de ocorrer uma vez que as coletas foram realizadas em sua grande maioria no estado de Minas Gerais ou oriundos da região nordeste do Brasil. Estes resultados são similares aos encontrados por Rodrigues, Astolfi-Filho, Clement (2004) na cultura da pupunha.

Por outro lado, o dendograma (Figura 1) realizado pelo método hierárquico de vizinho mais próximo também indica a ocorrência de tal agrupamento das procedências. Além disso, revela que as procedências pertencentes aos grupos 3, 4, 5 e 6 não formam grupos entre si ou com outras procedências, indicando assim que estas são contrastantes aos demais, apresentando as maiores distâncias com base em caracteres agronômicos.

Avaliar a importância de cada variável para a variação total observada entre as unidades amostrais, possibilita a eliminação das que pouco contribuem para essa variação. Dessa forma, verifica-se na Tabela 2 que as características número de cachos por planta e número de inflorescência por planta são responsáveis por quase 50% da contribuição relativa para a variabilidade genética entre as procedências. Por outro lado, a característica incidência de doenças apresenta uma parcela mínima de contribuição relativa para a variabilidade genética entre as procedências, com apenas 2,30% e neste caso pode ser descartada. Vale ressaltar ainda que além da baixa contribuição da característica incidência de doenças para a variabilidade, o mais importante é a dificuldade que o melhorista terá para realizar a seleção para tolerância a doenças entre as procedências de pinhão manso.

## **Conclusões**

- Os caracteres agronômicos avaliados permitiram para o agrupamento das procedências de pinhão manso, contribuindo de forma diferenciada para a variabilidade.
- Os caracteres que mais contribuíram para a variabilidade foram número de cachos por planta e número de inflorescência por planta.

## Referências

BELTRÃO, N.E.M. **Recomendação técnica sobre o plantio de pinhão manso no Brasil**. Disponível em: <<http://www.cpao.embrapa.br/portal/noticias/Position%20Paper.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2007.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Versão Windows - Biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 381p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, Ed. UFV, 1997. 390p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, Ed. UFV, 1981. 279p.

FERRÃO, M.A.G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A. Genetic divergence on common bean under tropical winter conditions. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1089-1098, 2002.

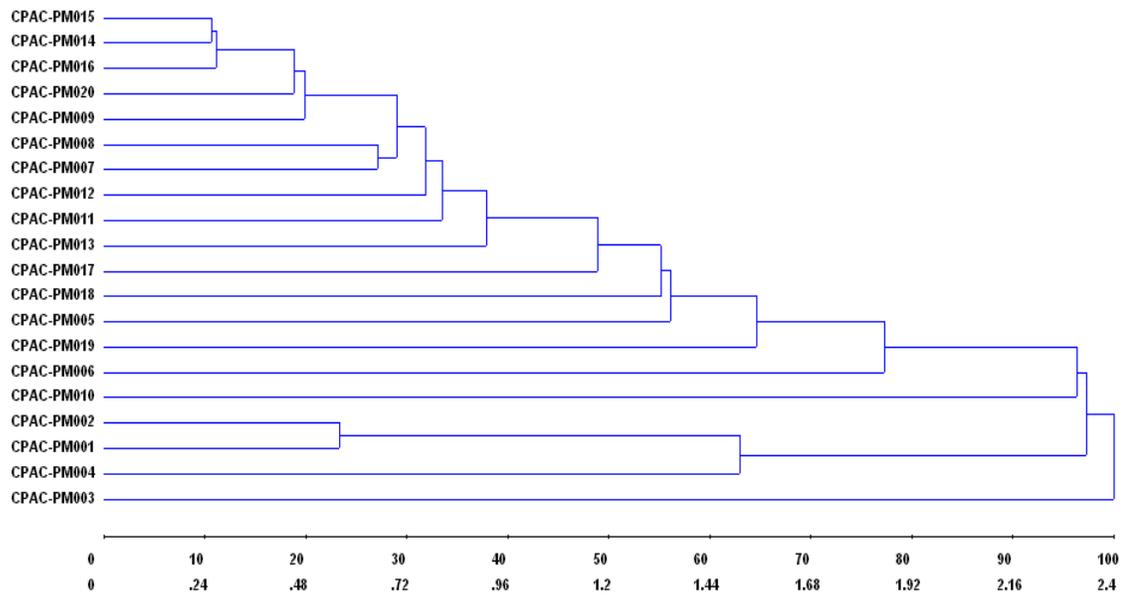
HELLER, J. **Physical nut (*Jatropha curcas* L.): Promoting the conservation and use of under utilized and neglected crops 1**. Gatersleben: Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research; Rome: international Plant Genetic Resources Institute. 1996. 66p.

RODRIGUES, D.P.; ASTOLFI-FILHO, S.; CLEMENT, C.R. Molecular markr-mediated validation of morfologically defined landraces of Pejibaye and their phylogenetic relationships. **Genetics Resources and Crop Evolution**. 51: 81-82, 2004.

SEVERINO, L.S; NÓBREGA, M.B.M; GONÇALVES, N.P; EGUIA, M.T.J. **Viagem à Índia para prospecção de tecnologias sobre mamona e pinhão manso**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. 58 p. (Embrapa Algodão. Documentos, 153).

**Tabela 1** - Agrupamento dos acessos de pinhão manso, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis e o método de otimização de Tocher

Grupo	Acessos
1	CPAC – PM 015, CPAC – PM 014, CPAC – PM 016, CPAC - PM 020, CPAC – PM 009, CPAC – PM 008, CPAC - PM 012, CPAC – PM 007, CPAC – PM 011, CPAC - PM 017, CPAC – PM 013, CPAC – PM 018, CPAC - PM 005
2	CPAC – PM 002, CPAC – PM 001, CPAC – PM 004
3	CPAC – PM 006
4	CPAC – PM 010
5	CPAC – PM 019
6	CPAC – PM 003



**Figura 1** - Dendrograma mostrando o relacionamento de 20 acessos de pinhão manso, obtido pelo método hierárquico do vizinho mais próximo, com base na Distância de Mahalanobis.

**Tabela 2** - Contribuição relativa para a diversidade genética das características avaliadas em procedências de pinhão manso em alta e baixa fertilidade do solo

<b>Características</b>	<b>S.j</b>	<b>Contribuição em %</b>
<b>Produção de grãos</b>	42,23	6,36
<b>Altura de planta</b>	93,66	14,10
<b>Diâmetro do caule</b>	31,74	4,78
<b>Número de ramos por planta</b>	85,31	12,85
<b>Incidência de doenças</b>	15,28	2,30
<b>Incidência de pragas</b>	48,01	7,23
<b>Número de inflorescência por planta</b>	141,44	21,30
<b>Número de cacho por planta</b>	171,53	25,84
<b>Número de fruto por cacho</b>	34,67	5,22