



## II - SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

# CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE PROCEDÊNCIAS DE PINHÃO-MANSO

Victor Mouzinho Spinelli<sup>1</sup>, Rodrigo Barros Rocha<sup>2</sup>, Helena Pereira Leite<sup>1</sup>, André Rostand Ramalho<sup>2</sup>, Alaerto Luiz Marcolan<sup>2</sup>

UNIR, Universidade Federal de Rondônia. Campus - BR 364, Km 9,5, CEP: 78900-000 - Porto Velho - RO,

Fone: (69)2182-2100. victor\_mousinho@yahoo.com.br

EMBRAPA - Centro de Pesquisas Agroflorestais de Rondônia, 78900-970, Porto Velho, RO - Brasil. Autor

correspondente: rodrigo@cpafro.embrapa.br rodrigo@cpafro.embrapa.br

**Palavras-chaves:** variabilidade genética, pinhão-mansó, procedências, produção de biodiesel

Por ser um cultivo relativamente recente, avaliações da variabilidade e do controle genético dos componentes de produção do pinhão-mansó (*Jatropha curcas*) são importantes para o estabelecimento de estratégias mais apropriadas para desenvolvimento de novos materiais. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre e dentro procedências de pinhão mansó visando identificar as populações com maior potencial para seleção de plantas. Foi instalado experimento em blocos casualizados com três repetições para a avaliação de quatro procedências de pinhão-mansó plantadas no campo experimental da Embrapa Rondônia em Porto Velho, em parcelas quadradas de trinta e seis plantas. As procedências são originárias dos municípios de Ariquemes - RO (1 e 2), Senador Firmino - MG (3) e Janaúba - MG (4). Foram avaliados os descritores altura total ALT (m), diâmetro do caule DC (cm) a três cm do solo, ramificação primária RP (m), altura do primeiro nó ALTPN (cm) e comprimento entre nó CENO (cm). A contribuição dos efeitos genéticos para a expressão das características foi estimada utilizando procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada) e a diversidade entre os acessos quantificada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis. As estimativas genéticas mostraram a predominância do componente genético na expressão das características entre procedências, e o agrupamento mostrou que as quatro procedências se organizaram em dois grandes grupos de variabilidade.