

## QUANTIFICAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE PROCEDÊNCIAS E FAMÍLIAS DE PINHÃO MANSO (*Jatropha curcas* L.)<sup>1</sup>

Adriano Ramos dos

SANTOS<sup>2</sup>

Ueliton Oliveira de

ALMEIDA<sup>2</sup>

André Rostand RAMALHO<sup>3</sup>

Fábio Medeiros FERREIRA

<sup>4</sup>

José Roberto Vieira JUNIOR<sup>3</sup>

Cléberon de Freitas FERNANDES<sup>3</sup>

Rodrigo Barros ROCHA<sup>3</sup>

Por ser considerado um cultivo em domesticação, avaliações da variabilidade e do controle genético dos componentes de produção do pinhão manso (*Jatropha curcas*) são especialmente importantes. Trabalhos recentes de quantificação da variabilidade entre acessos dessa oleaginosa mostraram resultados divergentes entre as análises de marcadores moleculares, que quantificaram baixa divergência genética, e as avaliações de campo, que quantificaram significativa divergência genética entre acessos. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre acessos de pinhão manso de 24 meses de plantio, visando fornecer subsídios para a seleção de plantas. As estimativas de distância genética entre os acessos foram obtidas utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, a partir da caracterização de 240 acessos estruturados em 16 famílias e 4 procedências; em delineamento de blocos casualizados com informação dentro de parcela, com três repetições de quatro plantas. Foram mensuradas médias de altura de plantas de 2,03 m, volume de copa de 1,20 m<sup>3</sup>, número de ramos primários igual a 11, número de cachos igual a 40 e número de frutos por cacho igual a 6. A projeção das distâncias no plano mostrou que as estimativas de variabilidade genética entre e dentro de famílias e procedências foram de magnitude semelhantes, sugerindo semelhança genética entre acessos de uma mesma procedência. Somente as características, número de frutos por cacho, número de ramos e altura apresentaram diferença significativa entre procedências e famílias de acordo com o teste F a 1% de probabilidade. Embora a característica número de frutos não tenha discriminado as procedências e famílias, a divergência devido ao número de ramos deverá, com o desenvolvimento das plantas, contribuir para diferença em sua produtividade. Pela decomposição da distância de Mahalanobis foi possível verificar que o número de ramos foi a característica que mais contribuiu para a divergência entre os acessos.

---

<sup>1</sup> Pesquisa com financiamento do CNPq como parte das atividades do projeto “Desenvolvimento de tecnologia para a produção de matéria-prima visando à produção de biocombustíveis no Estado de Rondônia” <sup>2</sup> Estudantes de graduação o, estagiários do projeto, <sup>3</sup> Pesquisadores da Embrapa Rondônia, <sup>4</sup> Professor adjunto da Universidade Federal do Amazonas.

**Palavras-chave:** pinhão manso, divergência genética, acessos.