



## CARACTERIZAÇÃO AGRO-MORFOLÓGICA DE ACESSOS ELITE DE MAMONA (*Ricinus communis*) DO BANCO DE GERMOPLASMA DO INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS

Maria Manuela Hashimoto Venancio<sup>1</sup>; Tammy Aparecida Manabe Kiihl<sup>2</sup>; Rafael de Almeida Simon<sup>3</sup>; Felipe de Assis Puttini<sup>4</sup>; José Nicomedes Júnior<sup>5</sup>, Carlos Augusto Colombo<sup>6</sup>

1. Aluna de mestrado do Instituto Agronômico de Campinas, área de concentração: genética, melhoramento e biotecnologia vegetal – mmanuela.venancio@gmail.com. 2. Pesquisadora do Instituto Agronômico de Campinas - tammy@iac.sp.gov.br 3. Aluno de mestrado do Instituto Agronômico de Campinas, área de concentração: genética, melhoramento e biotecnologia vegetal – rafael.ras1035@gmail.com 4. Aluno de mestrado do Instituto Agronômico de Campinas, área de concentração: genética, melhoramento e biotecnologia vegetal – fe\_puttini@hotmail.com 4. Consultor engenheiro agrônomo do Centro de Pesquisa e Desenvolvimento Leopoldo Américo Miguéz, Petrobrás – nicomedes@petrobras.com.br 5. Pesquisador do Instituto Agronômico de Campinas - iac.colombo@gmail.com

**RESUMO** - O melhoramento genético da mamoneira no Brasil iniciou-se em 1937 no Instituto Agronômico de Campinas (IAC). Mais recentemente o desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca, de porte baixo e com produção concentrada em um ou poucos racemos e adaptados aos mais variados ambientes do país onde a planta pode ser cultivada representa o principal objetivo dos programas de melhoramento genético. Para tanto, conhecer a diversidade do germoplasma disponível é de fundamental importância. Assim, este trabalho teve por objetivo caracterizar a diversidade genética de 49 acessos do germoplasma de mamona do IAC em condições de campo, representados por linhagens avançadas tolerantes à seca (TS) e de porte baixo (PB). Foram utilizadas 10 plantas por acesso e avaliadas em condições de campo seguindo descritores morfológicos propostos para a cultura, observando-se: altura da planta (cm), altura do caule (cm), diâmetro do caule (mm), número de internódios, coloração do caule, coloração das folhas adultas, coloração das folhas jovens, coloração da nervura, densidade de frutos no racemo, número de racemos, coloração dos frutos, coloração dos acúleos e presença de espinhos. Para ambos os conjuntos de acessos (TS e PB) foram obtidos índices de similaridade genética entre os seus genótipos (Jaccard) e em seguida obtido um dendrograma (UPGMA) para representar a estruturação da diversidade genética de cada grupo. A média da similaridade para acessos dos grupos TS e PB foi de 0,363 e 0,344, respectivamente, valores considerados baixos, indicando que a divergência genética dentro desses grupos permanece elevada. O maior valor de similaridade encontrado para PB foi 1 e o menor foi 0,08, enquanto que para TS o menor valor foi 0,04 e o maior foi também 1. Ou seja, ambos os grupos apresentaram valores de similaridade próximos, assim como as suas médias. Foram calculadas as médias de similaridade entre as plantas de cada acesso de ambos os grupos e a menor média encontrada no grupo PB foi de 0,340 e a maior foi de 0,634. No grupo TS a maior média foi de 0,529 e a menor de 0,143. Esses dados indicam que os acessos de cada grupo apresentam considerável diversidade genética. Em relação aos descritores densidade de frutos no racemo e quantidade de racemos por planta, considerados de grande interesse agrônomo, dentro do grupo TS, 12% dos indivíduos apresentam racemos com frutos compactos e 11% possuem apenas um racemo. No grupo PB, 17% dos indivíduos apresentaram racemos com frutos compactos e 10% com apenas um racemo, relevando que dentro desses grupos essas características ainda podem ser exploradas para fins de melhoramento genético. Conclui-se, assim, que os acessos representados por plantas de porte baixo e tolerantes à seca apresentam ampla diversidade tanto entre como dentro de acessos, permitindo orientar cruzamentos dirigidos entre plantas com maior diversidade genética para fins de melhoramento.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, sustentabilidade, agricultura familiar

**Apoio:** Petrobrás