



## DISSIMILARIDADE GENÉTICA POR MARCADORES MORFOAGRONÔMICOS DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MAMONA DA EMBRAPA

Mayara Aranha Barbosa<sup>1</sup>; Thiele Silva Carvalho<sup>1</sup>; Juliana Ferreira Carneiro<sup>1</sup>;  
Lamonier Chaves Ramos<sup>1</sup>; Máira Milani<sup>2</sup>

1. Estagiários da Embrapa Algodão; Graduandos em Ciências Biológicas pela UEPB; 2. Pesquisadora Embrapa Algodão..

**RESUMO** - No melhoramento genético de plantas é interessante a diversidade entre os indivíduos, pois possibilita realizar a recombinação da variabilidade, originando novos indivíduos geneticamente diferentes através da hibridação. Essas plantas híbridas são heterozigóticas, podendo apresentar ou não heterose, que são a base para a análise da diversidade genética, através das diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares, identificando a dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genitores. Este trabalho objetivou avaliar a dissimilaridade genética através da caracterização morfoagronômica de um conjunto de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamona da Embrapa (BAG Mamona). O experimento foi conduzido em área experimental da Embrapa Algodão e os tratamentos culturais foram os preconizados para a cultura da mamona. Foram avaliados 19 genótipos, com delineamento em blocos aumentados com 5 repetições e duas testemunhas comuns, BRS Energia e BRS Gabriela. Avaliou-se cor primária das sementes, cor secundária das sementes, padrão das sementes, formato das sementes, tipo de carúncula, cor do caule, cor das folhas adultas, cor das folhas jovens, cor das nervuras, cor dos frutos, presença de aculeos no fruto, cor dos aculeos, cerosidade do caule, cerosidade do fruto, cerosidade do aculeo, arquitetura da planta, compactação do racemo, formato do racemo, afunilamento das folhas, deiscência dos frutos, cerosidade da folha, densidade de aculeos no fruto, serrilhamento da folha, flores femininas, formato do lóbulo da folha. Observou-se a formação de quatro grupos, considerando-se 95% de similaridade. O Grupo I foi constituído pelos acessos: BRA 12297, BAG 2010-2, BRA 13811, BRA 5908, BRA 13536, BRA 14371, BRA 13196, BRS Energia, BAG 2006-1, BRA 13561, BRA 3361, BRA 655, BRS Gabriela, BRA 3182; o Grupo II foi constituído pelos genótipos BRA 13081 e BRA 5819; o Grupo III pelo genótipos BRA 5916 e BRA 14567 e o Grupo IV constituído somente pelo genótipo BRA 14028. Os genótipos com menor distância genética foram BRA 12297 e BAG 2010-2 e a maior distância genética foram BRA 12297 e BRA 14028. Quanto maior a distância genética entre os acessos, maior a probabilidade de que em cruzamentos seja obtida alta variabilidade. O acesso BRA 14028, por formar um grupo isolado, tem probabilidade de que em cruzamentos com acessos que foram agrupados no Grupo I apresenta alta variabilidade e potencialmente alta heterose.

**Palavras-chave:** *Ricinus communis*, variabilidade, similaridade

**Apoio:** Embrapa, CNPq (bolsa de Pibic de Mayara Aranha Barbosa e Lamonier Chaves Ramos)