

Diversidade genética entre genótipos de pinhão-manso baseada em caracteres agronômicos

Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Paulo Eduardo Teodoro (UFV, eduteodoro@hotmail.com), Erina Vitório Rodrigues (Embrapa Agroenergia, erina.rodrigues@colaborador.embrapa.br), Helio Gustavo Ramos Lopes (helioagropecuaria@hotmail.com), Rhayanne Dias Costa (Embrapa Agroenergia, rh dico@gmail.com), Júlio César Marana (Embrapa Agroenergia, julio.marana@embrapa.br), Alexandre Alonso Alves (Embrapa Agroenergia, alexandre.alves@embrapa.br)

Palavras Chave: *Jatropha curcas* L., distância de Mahalanobis, variabilidade genética.

1 - Introdução

O pinhão-manso é alvo de pesquisas em todo o mundo visando à produtividade de óleo em larga escala para produção de biodiesel e bioquerosene. Seu potencial produtivo está entre 1.200 e 1.500 kg ha⁻¹ de óleo a partir do 4º ano (Laviola et al., 2014). Uma das etapas de maior importância na busca por genótipos com maior valor agrônomo e industrial é a seleção de genitores para serem intercruzados de forma a constituir a população base.

Dessa forma, a avaliação da diversidade genética possibilita identificar os genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando a seleção de transgressivos. Por isso, buscam-se combinações que proporcionem à população-base ampla variabilidade genética e alta média para o caráter a ser selecionado (Cruz et al., 2011).

O objetivo desse trabalho foi estimar a diversidade genética entre acessos do banco de germoplasma da Embrapa Agroenergia baseado em caracteres agrônômicos.

2 - Material e Métodos

O experimento foi instalado na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF situada a 15°35'30" S e 47°42'30" W, a 1.007 m altitude. O clima é tropical com inverno seco e verão chuvoso (Aw) segundo a classificação de Köppen, com temperatura média anual de 22 °C, umidade relativa de 73% e precipitação pluvial média de 1.100 mm. O solo predominante no local foi classificado como Latossolo Vermelho com alto teor de argila.

Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso com duas repetições e cinco plantas por parcela no espaçamento 4 x 2 m. O manejo baseou-se em Dias et al. (2007), com adaptações de acordo com os resultados de pesquisa com pinhão-manso no Brasil e no mundo.

Os caracteres avaliados foram: altura de planta aos 12 (AP12) e 40 (AP40) meses após o plantio (MAP); projeção da copa na linha aos 12 (PCL12) e 40 (PCL40) meses após o plantio; projeção da copa na entrelinha aos 12 (PCE12) e 40 (PCE40) meses após o plantio; número de ramificações aos 40 (NR40) meses após o plantio;

produtividade de grãos em 2014 (PG6) e 2015 (PG7), que correspondem ao sexto e sétimo ano após o plantio, respectivamente. Os caracteres altura de plantas, projeção da copa na linha e entrelinha foram mensurados em m, enquanto a produtividade de grãos foi estimada em kg ha⁻¹.

Inicialmente, para verificar a existência de variabilidade entre os genótipos, os dados obtidos foram submetidos à análise de variância. Posteriormente, foi estimada a distância de Mahalanobis (D²) entre os acessos, sendo utilizados os métodos de Tocher e ligação média entre grupos (UPGMA) para expressar graficamente a distância entre os genótipos. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* GENES (Cruz, 2013) e seguiram os procedimentos recomendados por Cruz et al. (2011).

3 - Resultados e Discussão

Houve efeito significativo ($p < 0,05$) entre os genótipos para todos os caracteres avaliados, o que revela presença de variabilidade genética na população. Portanto, todos os caracteres foram utilizados para estimar a diversidade entre os genótipos de pinhão-manso.

Os genótipos 120 e 153 constituíram o par mais similar ($D^2 = 0,89$). O cruzamento entre esses genótipos, por apresentarem mesmo padrão de desempenho agrônomo, não é recomendado para utilização em programas de melhoramento genético que utilizem da técnica de hibridação, para que a variabilidade genética não seja restrita, de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos por seleção.

O par mais divergente foi formado pelos genótipos 107 e 142 ($D^2 = 135,36$). Essa alta divergência, a princípio, permite recomendar o cruzamento entre esses genótipos, visando maximizar a heterose nas progênes e a aumentar a possibilidade de ocorrência de segregantes transgressivos nas gerações avançadas.

Pelo método de agrupamento UPGMA foram formados três grupos (Figura 1). O primeiro grupo foi formado apenas pelo genótipo 107. O segundo grupo foi composto pelos genótipos 118, 169 e 170, enquanto os demais genótipos constituíram o terceiro grupo.

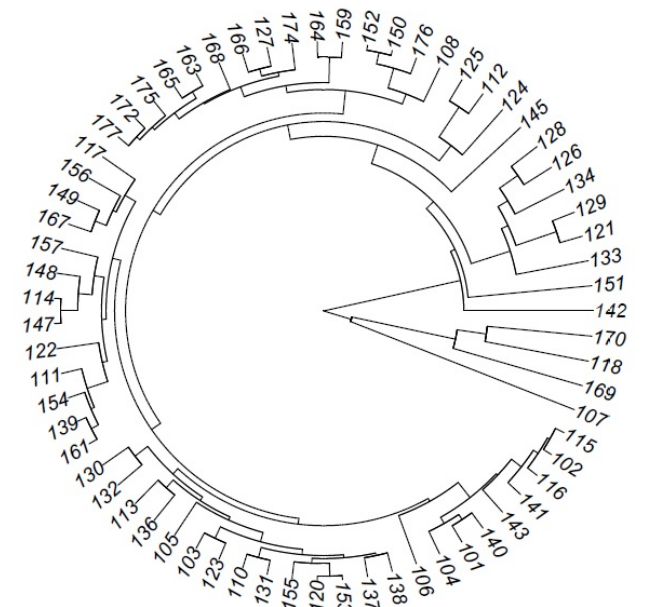


Figura 1. Diversidade entre 67 acessos de pinhão-mansão utilizando a distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA.

De forma similar, o método de Tocher reuniu os genótipos de pinhão-mansão em quatro grupos. O primeiro grupo alocou a maioria dos genótipos avaliados, uma vez que essa é uma característica desse método que reúne a maioria dos indivíduos no grupo inicial, de forma que a distância intra-grupo seja menor que a distância inter-grupo (Tabela 1).

Tabela 1. Agrupamento de 67 acessos de pinhão-mansão com base na distância de Mahalanobis e método de otimização de Tocher.

Grupo	Acessos
I	120, 153, 155, 137, 131, 110, 114, 103, 102, 161, 123, 154, 127, 141, 115, 116, 139, 168, 140, 147, 132, 149, 174, 138, 101, 117, 106, 104, 166, 113, 172, 130, 176, 163, 152, 150, 159, 125, 156, 111, 167, 175, 108, 105, 148, 165, 157, 177, 124, 122, 164, 134, 136, 143, 112, 128, 145, 121, 126, 151, 142, 118 e 129
II	169 e 170
III	107
IV	133

O agrupamento da maioria dos genótipos de pinhão-mansão no mesmo grupo por ambos os métodos de agrupamento utilizados nesse trabalho indica que esses genótipos possuem ancestrais em comum. Essa baixa variabilidade genética entre os acessos brasileiros também foi verificada por Rosado et al. (2010) utilizando marcadores RAPD e indicou a necessidade de introdução de germoplasma exótico para aumentar a variabilidade nesta população.

Os genótipos 169 e 170 formaram o grupo II, o que mostra que esses podem ser incluídos em blocos de cruzamentos para a formação de população-base, no entanto

não devem ser cruzados entre si. Os genótipos 107 e 133 formaram os grupos III e IV, respectivamente. Rosado et al. (2010) observaram diversidade genética a nível molecular entre esses genótipos, que foram agrupados em grupos distintos.

Esses resultados indicam que o genótipo 107 possui alta divergência em relação aos demais acessos e deve ser considerado para a formação de populações segregantes. Além disso, esse genótipo possui porte baixo, uma das características desejadas em genótipo de pinhão-mansão, visto que isso facilita a colheita manual.

4 – Conclusões

Existe baixa variabilidade genética entre os genótipos de pinhão-mansão com base em caracteres agrônômicos.

Os genótipos 107, 169 e 170 possuem maior diversidade genética em relação aos demais, sendo os mais recomendados para compor blocos de cruzamento visando gerar populações segregantes.

5 – Agradecimentos

Embrapa, CNPq, Capes e Finep

6 - Bibliografia

- Cruz, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* **2013**, 35, 271-276.
- Cruz, C. D.; Ferreira, F. M.; Pessoni, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Suprema: Visconde do Rio Branco (2011).
- Dias, L. A. S.; Leme, L. P.; Laviola, B. G.; Pallini Filho, A.; Pereira, O. L.; Carvalho, M.; Manfio, C.E.; Santos, A. S.; Sousa, L.C.A.; Oliveira, T.S.; Dias, D.C.F.S. *Cultivo de pinhão manso (Jatropha curcas)*. Viçosa: UFV, **2007**. 40p.
- Laviola, B. G.; Silva, S. D. A.; Juhász, A. C. P.; Rocha, R. B.; Oliveira, R. J. B.; Albrecht, J. C.; Alves, A. A.; Rosado, T. B. Desempenho agrônômico e ganho genético pela seleção de pinhão-mansão em três regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **2014**, 49, 356-363.
- Rosado, T. B.; Laviola, B. G.; Faria, D. A.; PAPPAS, M. R.; Bhering, L. L.; Quirino, B.; Grattapaglia, D. Molecular Markers Reveal Limited Genetic Diversity in a Large Germplasm Collection of the Biofuel Crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. *Crop Science* **2010**, 50, 2372-2382.