

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**GENÓTIPOS DE *Ricinus communis* L. PROMISSORES NO
DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES**

GEAN CARLO SOARES CAPINAN

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA

MAIO - 2020

GENÓTIPOS DE *Ricinus communis* L. PROMISSORES NO DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES

GEAN CARLO SOARES CAPINAN

MSc. em Ciências Agrárias

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2007

Tese apresentada ao Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito para a obtenção do Título de Doutor em Ciências Agrárias (Área de Concentração: Fitotecnia).

Orientadora: Profa. Dra. Simone Alves Silva

Coorientador: Prof. Dr. Deoclides Ricardo de Souza

Coorientador: Prof. Dr. Leandro Santos Peixoto

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA

MAIO - 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

C243g

Capinan, Gean Carlo Soares

Genótipos de *Ricinus communis* L. promissores no desenvolvimento de novas cultivares / Gean Carlo Soares Capinan. – Cruz das Almas, BA, 2020. 167f.; il.

Orientadora: Simone Alves Silva.

Coorientador: Deoclides Ricardo de Souza.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Doutorado em Ciências Agrárias.

1.Mamona – Cultivo. 2.Mamona – Melhoramento genético. 3.Ricinus-communis – Análise. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Peixoto, Leandro Santos. III.Título.

CDD: 633.85

Ficha elaborada pela Biblioteca Universitária de Cruz das Almas - UFRB.
Responsável pela Elaboração - Antonio Marcos Sarmiento das Chagas (Bibliotecário - CRB5 / 1615).
(os dados para catalogação foram enviados pelo usuário via formulário eletrônico).

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**GENÓTIPOS DE *Ricinus communis* L. PROMISSORES NO
DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES**

**COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE TESE DE
GEAN CARLO SOARES CAPINAN**

Realizada em 28 de maio de 2020

Profa. Dra. Simone Alves Silva
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Interno (Orientadora)

Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Interno

Profa. Dra. Adriana Rodrigues Passos
Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS
Examinador Externo

Profa. Dra. Daniela de Souza Hansen
Instituto Federal de Educação, Ciências e Tecnologia Baiano - IFBAIANO
Examinador Externo

Postdoc. Cássia da Silva Linger
Clemson University
Examinador Externo

DEDICATÓRIA

A Deus,

À minha esposa Ana Paula Santiago de Oliveira Capinan e ao meu filho Ian Santiago de Oliveira Capinan, pelo apoio incondicional,

À minha mãe Nilda Soares Capinan e meu pai Alfredo Ferreira Capinan (*in-memorian*), que sempre buscou me apoiar em todas as minhas decisões, contribuindo, na sua totalidade, para a realização desta etapa da minha vida.

DEDICO

Aos meus Irmãos José Waldson, José Walter (*in-memorian*), Antonio Vander, Ricardo e Simone.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus por estar sempre auxiliando e guiando meus passos.

A Ana Paula Santiago de Oliveira pelo companheirismo e a seus pais Antonio Oliveira e Petronilia (Tia Ninha), que sempre me deram apoio e força, para que eu realizasse este trabalho.

Ao Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia – IFBAIANO, pela liberação integral para cumprimento dos estudos.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB pela oportunidade de ter realizado o Curso de Doutorado.

À Profª Drª. Simone Alves Silva pela doutrina, atenção e convívio amigável prestado durante a orientação.

Ao Técnico do NBio, Dr. Ciro Filadelfo, por me auxiliar nas atividades de laboratório embarcando nas minhas aventuras. Muito obrigado, meu amigo, pelo profissionalismo e ensinamentos proporcionados durante a realização desta pesquisa.

À Dra. Laurenice Anjo dos Santos, por todo apoio na condução do experimento de Campo e Laboratório.

Aos estagiários do NBio, Glenda da Paz Cruz, Matheus Luiz da Conceição Souza, Rian Carlos de Jesus Alves, Gisele de Jesus Vieira de Souza e Maria Isabel Santos Silva, que não mediram esforços nas avaliações realizadas.

Ao pesquisador Dr. Luiz Colnago da Embrapa Instrumentação – São Carlos, pela viabilização para a determinação do teor de óleos nas sementes de mamona, e a Empresa FIT – Fine Instrument Technology nas pessoas do PhD. Daniel Martelezo Consalter, da MSc. Cristina Consalter e do Msc. Agide Marassi, que se dispuseram em auxiliar e executar as análises necessárias para a conclusão dos trabalhos.

A todos os colegas de curso, principalmente a Ilneide Braz Santos de Jesus, que esteve a todo o momento disponível para a realização dos trabalhos, e as colegas de curso Hilçana Ylka Gonçalves de Albuquerque e Francielly Carvalho de Oliveira.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para o desenvolvimento desta tese.

SUMÁRIO

Página

RESUMO

ABSTRACT

REFERENCIAL TEÓRICO01

ARTIGO 1

VARIABILIDADE DE PROGÊNIES F₂ DE MAMONEIRA POR MEIO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS41

ARTIGO 2

PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES EM PROGÊNIES F₂ DE *R. communis* L.87

ARTIGO 3

R. communis L. COM ELEVADO TEOR DE ÓLEO E BASE MOLECULAR AMPLA POR MARCADORES MOLECULARES SSR.....121

CONSIDERAÇÕES FINAIS158

GENÓTIPOS DE *Ricinus communis* L. PROMISSORES NO DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES

Autor: MSc. Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

RESUMO: Esse trabalho baseia-se na avaliação de 497 linhagens de mamoneira, observando o nível de entropia para os caracteres morfoagronômicos com o uso do coeficiente de Rényi, estimativa dos parâmetros genéticos, avaliação das correlações existentes entre os caracteres, seleção de genótipos pelo índice de Mulamba e Mock e a caracterização molecular, visando selecionar constituições elites e divergentes. Foram desenvolvidas hibridações direcionadas com genótipos superiores e divergentes para caracteres de interesse do programa de melhoramento genético da espécie. Os parentais UFRB36, UFRB122, UFRB160, UFRB176, UFRB193, UFRB248 e UFRB255, e as sementes das cinco famílias F01, F02, F03, F04 e F05, resultantes das hibridações direcionadas na população F1, sendo: F01: (UFRB176 / UFRB248), F02: (UFRB255 / UFRB122), F03: (UFRB176 / UFRB193), F04: (UFRB36 X UFRB176) e F05: (UFRB160 X UFRB176), passaram a compor a população de estudo. O ensaio foi instalado na área experimental do NBIO do CCAAB/UFRB no município de Cruz das Almas. Com a mensuração dos caracteres qualitativos foi possível estimar o nível de entropia pelo procedimento de Rényi, estabelecer a dissimilaridade genética pelo índice de coincidência simples, e efetuar o agrupamento pelo método de Tocher, realizando concomitantemente uma análise de variância para os dados quantitativos. Dentre os 35 descritores qualitativos, aqueles que apresentaram maiores entropias foram: coloração do caule, forma do racemo, número de racemos colhidos, coloração principal das sementes, tipo de coloração secundária das sementes e peso de cem sementes, possibilitando constatar a variabilidade da população e formação de 68 grupos distintos em função da similaridade genética intragrupo. A análise de variância realizada para os 12 caracteres quantitativos, revelou diferença significativa para todos os caracteres avaliados, evidenciando com esses resultados a superioridade para algumas famílias híbridas, assim como para alguns parentais com grande potencial de exploração. Os caracteres florescimento (FLO), estatura da planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de 100 sementes (P100) e teor de óleo na semente (TOS), por apresentarem maior interesse para a

cultura, bem como herdabilidade superior a 50% em todas as famílias, foram suficientes para indicar 99 genótipos superiores, dentre os 497 avaliados, com base no índice de seleção de Mulamba e Mock (1978). Uma correlação positiva significativa foi observada entre a estatura de plantas e peso de cem sementes em algumas famílias, bem como peso de semente por planta ao se relacionar com o peso de cem sementes, número de sementes por planta e ao peso de cem sementes. O florescimento com número e peso de sementes por planta, apresentaram uma correlação negativa, porém significativa. Dentre os 35 marcadores moleculares do tipo SSR (Simple Sequence repeat) testados, 17 deles revelaram-se com maior índice de polimorfismo sendo usados nesse estudo, com PIC variando de 0.639 a 0.956, revelando número total de alelos de 05 a 25, Heterozigosidade observada compreendida entre 0.694 a 0.944 e o nível de endogamia apresentou valores de 0.05 a 0.44. A análise conjunta de dados moleculares com teor de óleo, possibilitou a seleção de 44 genótipos com elevado teor de óleo e simultaneamente divergentes, contribuindo com o programa de melhoramento, possibilitando novas avaliações e afirmação daqueles melhores genótipos a comporem a população melhorada do programa de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: mamona, seleção, SSR, marcadores moleculares, entropia, agrupamento

PROMISING GENOTYPES OF *RICINUS COMMUNIS*L. IN THE DEVELOPMENT OF NEW CULTIVARS

Autor: MSc. Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

ABSTRACT: This study is based on the evaluation of 497 castor bean strains, to be performed by observing the entropy level for the morpho-agronomic traits with the use of Rényi coefficient, estimation of genetic parameters, evaluation of correlations between the characters, selection of genotypes by the Mulamba and Mock index and molecular characterization, aiming to select elite and divergent constitutions. Targeted hybridizations were conducted with superior and divergent genotypes for traits of interest to the breeding program of the species. The parents UFRB36, UFRB122, UFRB160, UFRB176, UFRB193, UFRB248 and UFRB255, and the seeds of families F01, F02, F03, F04 and F05, resulting from targeted hybridizations in the F1 population, being: F01: (UFRB176 / UFRB248), F02: (UFRB255 / UFRB122), F03: (UFRB176 / UFRB193), F04: (UFRB36 X UFRB176) and F05: (UFRB160 X UFRB176), began to compose the study population. The experiment was installed in the experimental area of the CCAAB/UFRB NBIO in the municipality of Cruz das Almas, BA, Brazil. With the measurement of qualitative traits it was possible to estimate the level of entropy by the Rényi procedure, establish genetic dissimilarity by simple coincidence index, and group the genotypes by the Tocher method, performing concomitantly an analysis of variance for quantitative data. Among the 35 qualitative descriptors, those with the highest entropy were: stem color, raceme shape, number of racemes harvested, main color of seeds, type of secondary color of seeds, and 100-seed weight, which made it possible to verify the variability of the population and formation of 68 distinct groups due to the intragroup genetic similarity. The analysis of variance performed for the 12 quantitative traits revealed a significant difference for all traits evaluated, evidencing with these results the superiority for some hybrid families, as well as for some parents with great exploitation potential. The traits flowering (FLO), plant height (PH), number of seeds per plant (NSP), weight of seeds per plant (WSP), 100-seed weight (100SW) and oil content in the seed (OCS), for being of greater interest for the crop, as well as having heritability greater than 50% in all families, were sufficient to indicate 99 superior genotypes, among the

497 evaluated, based on the selection index of Mulamba and Mock (1978). A significant positive correlation was observed between plant height and 100-seed weight in some families, as well as weight of seeds per plant when related to 100-seed weight, number of seeds per plant and 100-seed weight. Flowering showed a negative but significant correlation with number and weight of seeds per plant. Among the 35 SSR (Simple Sequence Repeat)-type molecular markers tested, 17 of them were shown to have a higher level of polymorphism, being used in this study, with PIC ranging from 0.639 to 0.956, revealing a total number of alleles from 05 to 25, heterozygosity observed between 0.694 and 0.944 and inbreeding levels from 0.05 to 0.44. Joint analysis of molecular data with oil content made it possible to select 44 genotypes with high oil content and simultaneously divergent, contributing to the breeding program and enabling new evaluations and determination of the best genotypes to compose the base population of the breeding program of the species.

Keywords: castor bean, selection, SSR, molecular markers, entropy, clustering

REFERENCIAL TEÓRICO

A mamoneira, (*Ricinus communis* L.), também conhecida como carrapateira, ricínio, palma christi, pertence à família Euphorbiaceae, sendo reconhecidas as subespécies *R. communis sinensis*, *R. communis zanzibarensis*, *R. communis persicus* e *R. communis africanus*. Para alguns estudiosos se originou na África tropical precisamente na Etiópia, uma vez que há uma maior diversidade de tipos de mamona silvestre e semicultivada em comparação com qualquer outra parte do mundo (MOSHKIN, 1986).

Devido seu potencial adaptativo, apresenta produção satisfatória em variadas condições ambientais. (MARTIN, 1967.; PURSELOVE, 1981.; FAO, 2014; ALVES et al., 2015).

A mamoneira, é conhecida e cultivada a mais de 4.000 anos, sementes dessa oleaginosa foram encontradas em sarcófagos egípcios, utilizadas provavelmente para fins medicinais (OLSNES, 2004; ALLAN et al., 2008).

No Brasil, a utilização dessa cultura remonta aos tempos do Império, com sementes trazidas pelos portugueses com o objetivo de extração de óleo para utilização na iluminação e como lubrificantes nas engrenagens das carroças, meio de transporte daquela época (AZEVEDO e BELTRÃO, 2007).

A mamona passou a ser considerada uma oleaginosa de grande interesse comercial, pois o óleo produzido é composto principalmente do ácido ricinoleico detentor de moléculas com propriedades bastante diversificadas, de certa forma, incomum entre os ácidos graxos existentes nos óleos vegetais, permitindo a sua utilização em diversos processos industriais (EMBRAPA, 2018).

O óleo produzido pela mamona possui grande interesse comercial devido a presença de ácido ricinoleico, que constitui 80-90% da sua composição, apresentando também 3 - 6% de ácido linoléico, 2 - 4% de ácido oleico e 1 - 5% de ácidos graxos saturados (SCHOLZ et al., 2008). O ácido ricinoleico possui

maior índice de viscosidade e estabilidade entre os óleos vegetais, sendo muito apreciado em diversos processos industriais (OGUNNIYI, 2006; SCHOLZ et al., 2008; EMBRAPA, 2018).

Para Cunha et al. (2017) o óleo da mamona é muito utilizado nos processos industriais de plástico, siderurgia, saboaria, perfumaria, curtume, tintas, vernizes, lubrificante para motores de alta rotação, anticongelante de combustível para aviação e espaçonaves, componentes de automóveis, resinas, entre outros, chegando a ser empregada em quase duas mil aplicações.

O óleo da mamona, além das excelentes propriedades apresentadas para os diferentes setores da indústria, possui como ponto positivo a sua obtenção de fontes naturais renováveis, podendo ser utilizado principalmente na produção do biodiesel, que é um combustível biodegradável, não corrosivo e ambientalmente correto, Por essas características, possui um grande apelo ambiental, especialmente por diminuir as emissões de gases poluentes durante a combustão quando comparado aos combustíveis fósseis (LING et al., 2016 e QUEIROZ et al., 2019).

Atualmente, investimentos em pesquisa tem sido empregado na utilização do óleo da mamona para transformação em poliuretano, visando a obtenção de dispositivos médicos, como órteses, artérias, peles, válvulas entre outros, por serem biocompatíveis com o corpo humano, de fácil degradação, não apresentar toxicidade e possuir ampla versatilidade química (USCÁTEGUI et al., 2019). Por ser biocompatível e osteocondutor, permite o crescimento de tecido conjuntivo e ósseo dentro de seus poros, auxiliando na estabilidade de aparelhos cirúrgicos (MORA NETO et al., 2019).

A cultura da mamona, diante da comprovada importância e utilização, necessita atender um mercado avido por matéria prima, que fortalece o comércio e garante geração de renda. James (2016) relata, que o mercado mundial terá, com a produção do óleo de mamona, um incremento na sua economia na ordem de US \$ 1,81 bilhão até 2020. O aumento do interesse de substituição de combustíveis convencionais por biocombustíveis, preços voláteis do petróleo bruto, maior demanda da Europa, China e EUA, e crescimento das principais indústrias de uso final, deverão impulsionar o mercado mundial da ricinocultura. Desta forma, o setor agrícola vive nos últimos anos uma maior expansão das suas áreas de cultivo, e de acordo com dados da FAO Statistics

(2017) a maior produção de mamona foi alcançada pela Índia, que em 2017 que produziu 1.568.000 t de sementes, seguida por Moçambique com produção de 79.944 t, China com 55.000 t e Brasil com 13.481 t. Já o consumo do óleo, se destaca naqueles países mais industrializados, sendo França, Alemanha, Estados Unidos, Japão, China, Países Baixos e Tailândia os principais compradores, responsáveis por aproximadamente 75% das importações mundiais.

No Brasil a ricinocultura apresenta vantagens em termos de clima, solo e manejo em relação às demais culturas, o que permite a expansão da área plantada para seu cultivo (SILVA *et al.*, 2013). Desta forma, a área plantada de mamona foi estimada em 47,9 mil hectares para safra 2018/19, com uma produção total de 29,7 mil toneladas, ficando os estados da Bahia (43,2 mil.ha⁻¹ / 26,8 mil.t⁻¹), Ceará (2,0 mil.ha⁻¹ / 0,5 mil.t⁻¹) e Mato Grosso (2,5 mil.ha⁻¹ / 2,4 mil.t⁻¹) como os principais produtores, embora a região de Irecê na Bahia, detenha com larga vantagem a maior área cultivada com 26.8 mil hectares com produção de 26.8 mil toneladas de grãos, representando um acréscimo de 46,5% em relação à safra passada. Possivelmente o principal fator motivador do aumento da área plantada pode ser atribuído ao clima favorável e ao preço, aliado à liquidez do produto no mercado (CONAB, 2018).

A microrregião geográfica de Irecê que é formada por 20 municípios (América Dourada, Barra do Mendes, Barro Alto, Cafarnaum, Canarana, Central, Gentio do Ouro, Ibipeba, Ibititá, Ipupiara, Irecê, Itaguaçu da Bahia, João Dourado, Jussara, Lapão, Mulungu do Morro, Presidente Dutra, São Gabriel, Uibaí e Xique-Xique) a ricinocultura ganha destaque como uma das atividades mais importantes para o setor agrícola, conforme demonstrado pela expressiva área plantada (CONAB, 2018). Por levantamento realizado junto a agentes de assistência técnica atuantes na região, vale salientar a importância dessa cultura, uma vez que contempla mais de 30 mil famílias, que vivem de forma direta do agronegócio da mamona, produzindo aproximadamente 71% e 53%, respectivamente, da quantidade produzida no estado e no país.

O sistema de cultivo da mamona empregado pelos pequenos produtores, tem como entrave o baixo uso de tecnologias apropriadas para o cultivo, sendo o sistema de produção, desde o plantio até o beneficiamento, realizados de forma manual (SAVY FILHO, 2005), com uso de materiais locais pouco produtivos,

tardios e desuniformes, pouco ou nenhum manejo do solo ou adubação, entre outros, acarretando baixos rendimentos.

Segundo Beltrão (2006), a mamona é uma espécie que tem potencial de produzir mais de 10 t.ha⁻¹ de bagas, que, com 50% de óleo, fornece cerca de 5,0 t de óleo.ha⁻¹. Apesar desse potencial, a produtividade média em kg.ha⁻¹ é baixa, apresentando as seguintes faixas: no Brasil (600-900); no Mato Grosso (960-1560); na Bahia (300-600) e em São Paulo (1200-1800), sendo estas produtividades e suas variações devidas a diferenças nos genótipos, nos modelos de produção adotados, no manejo nutricional e nas épocas de semeadura (CONAB, 2019; SMIDERLE, 2004).

A Associação de Fomento a Lavoura Oleaginosa – AFLO (1970), constatou o uso de mais de 90 tipos de sementes de mamona na Bahia, demonstrando o grau de heterogeneidade da cultura, e com isso diversos problemas, como desuniformidade na colheita, baixo teor de óleo e conseqüentemente baixa produção. Em contraponto, uma nova tendência ganha impulso em algumas regiões, como no Oeste da Bahia e Mato Grosso, com uso de tecnologia de ponta, irrigação e uso de sementes melhoradas, alcançando produtividade acima de 1.500 kg.ha⁻¹.

A desuniformidade de genótipos, devido a heterogeneidade na cultura da mamona acarreta grande variação no crescimento, cor de folhagem e caule, tamanho, coloração e forma de sementes, teor de óleo, porte entre outros (Beltrão et al., 2017), causando dificuldades para o manejo, além disso a interação genótipo e ambiente é um dos componentes da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado pelos genótipos, quando submetidos a mais de um ambiente (BORÉM et al., 2009). Dessa maneira, o desenvolvimento de novos materiais genéticos, visando atender as áreas de expansão da cultura, tanto nas regiões tradicionais como em novas regiões é de grande importância para assegurar maiores ganhos na produção. Incluindo, características específicas para os diferentes sistemas de produção, obtendo material mais produtivo e adaptado, avaliando características em função do ambiente, do sistema de produção e do nível de tecnologia empregada.

Com a nova realidade vivida no meio rural nos últimos tempos com a escassez de mão de obra, elevando o custo para as operações de manejo e tratamentos culturais, a necessidade de desenvolver cultivares com porte baixo a não

(facilitando a colheita manual e vislumbrando a mecanizada) e indeiscência dos frutos (possibilitando colheita única), são pontos a serem levados em consideração na tomada de decisão do melhoramento da cultura.

Assim o programa de melhoramento da mamoneira tem como foco o atendimento das demandas nacional e regional buscando o fortalecimento das ações de pesquisa em nível local, a fim de que os resultados obtidos possam ser prontamente transferidos aos produtores e resultem na elevação do patamar tecnológico destas regiões de interesse pela cultura da mamona.

Em função do exposto, esse trabalho teve como objetivo avaliar 600 linhagens, avaliando a diversidade pelo nível de entropia de Renye, estimação dos parâmetros genéticos, avaliação de correlações entre caracteres, seleção de genótipos pelo índice de Mulamba e Mock e a caracterização molecular, visando à seleção de linhagens elites e divergentes.

CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS PARA O CULTIVO DA MAMONA

A mamoneira (*R. communis*) é uma planta que consegue completar seu ciclo vegetativo em condições onde existe pouco suprimento de água, por isso denominada de xerófila, necessitando para tanto de exposição constante ao sol, e por essa característica denominada de heliófila. Explorada comercialmente entre as latitudes 40°N e 40°S, é uma planta que pode apresentar crescimento indeterminado com floração e frutificação contínua e sucessivas ao longo do seu ciclo de desenvolvimento, e havendo disponibilidade satisfatória de água e nutrientes cresce de forma simpodial (SAVY FILHO, 2005).

A cultura da mamona apresenta larga capacidade adaptativa, possibilitando a sua distribuição em todo território brasileiro, vegetando desde o Rio Grande do Sul até a Amazônia. Por se tratar de uma planta tolerante à seca e exigente em calor e luminosidade, está disseminada por quase todo o Nordeste, cujas condições climáticas são adequadas ao seu desenvolvimento, sendo a Bahia responsável por mais de 90% da produção nacional (CONAB, 2019).

A rusticidade da mamoneira permite que a planta se desenvolva e produza bem em quase todos os tipos de solo, excluindo-se os propícios ao encharcamento como aqueles que apresentam textura muito argilosa. O sistema radicular da mamoneira tem capacidade de explorar as camadas mais profundas

do solo, promovendo o aumento da aeração e da capacidade de retenção e distribuição da água no solo. Exigentes em solos com pH entre 5 e 6,5, com fertilidade média a alta, porém, solos com fertilidade muito elevada favorecem o crescimento vegetativo excessivo, prolongando o ciclo e expandindo, consideravelmente, o período de floração (EMBRAPA, 2018).

Com regularidade das chuvas na fase vegetativa e período de estiagem na fase subsequente, a cultura tende a apresentar uma maior produção, pela disponibilidade de água nos momentos de enchimento de grãos e posteriormente pela secagem dos frutos o que contribui para uma colheita mais uniforme. O regime hídrico, adequado para a sua produção está delimitado entre 600 a 700 mm, podendo proporcionar rendimentos superiores a 1,5 mil kg.ha⁻¹ (BELTRÃO et al., 1999). Nota-se que a cultura demanda um maior volume de água no solo, no início da fase vegetativa, produzindo, economicamente, em locais na qual a precipitação mínima, até o início da floração esteja entre 300 a 500 mm (LIMA et al., 2017).

A umidade ideal para a cultura está em torno de 60%, valores superiores podem desencadear diversas doenças, principalmente as fúngicas, sendo mais crítico nos estádios de plântula, maturação e colheita (AZEVEDO et al., 1997). Um outro fator que chama atenção é a combinação de elevadas temperaturas e umidades, potencializando surgimento do mofo-cinzento (*Amphobotrys ricini*), tornando-se o principal problema, e que acarreta perdas de até 100% da produtividade (LIMA et al., 2011).

A temperatura média observada para o pleno desenvolvimento da cultura está em torno de 25°C, e variando entre 20°C e 30°C se obtém produção comercial dentro dos limites estabelecidos para a cultura, sendo considerada uma planta tolerante à seca (BELTRÃO et al., 2006). As temperaturas acima dos 40°C proporcionam abortamento de flores, reversão sexual de flores femininas e redução substancial no teor de óleo das sementes (BELTRÃO et al., 2009). As baixas temperaturas retardam a germinação, prolongando a permanência das sementes no solo, o que favorece o ataque de microrganismos e insetos (TÁVORA et. al., 1982).

No tocante a altitude, recomenda-se o plantio entre 300 a 1500 mm acima do nível do mar, devendo-se evitar maiores níveis, devido as baixas temperaturas que impossibilitam a produção de sementes, devido à perda de viabilidade do

pólen (TÁVORA et. al., 1982). Já as baixas altitudes favorecem um maior desenvolvimento vegetativo, apresentando, às vezes, abortamento de flores e até reversão de sexo, embora Severino et. al. (2006) tenha conseguido valores expressivos na produtividade em experimentos instalados no estado do Ceará, nas cidades de Maranguape e Quixeramobim, com altitudes de 140 e 280 m e alcançando produtividades de 1.682 e 1.531 Kg.ha⁻¹ de grãos, respectivamente.

SEMIÁRIDO BRASILEIRO – SUA POTENCIALIDADE PARA O CULTIVO DA MAMONA

O Brasil por apresentar grande diversidade climática, tem a seu favor aptidão para o cultivo de inúmeras culturas de importância econômica, dentre estas a mamona que vem se destacando no cenário nacional, pela fácil adaptação e importância comercial (AMÉLIO et. al., 2016; DANTAS et al., 2017). No mundo, mais de 17% da população vive em regiões semiáridas, sendo que no Brasil, são mais de 20 milhões de pessoas convivendo com as adversidades dessa região. O semiárido corresponde a 53% da área do Nordeste, sendo uma zona sujeita a períodos cíclicos de secas. As condições de aridez, aliada às condições meteorológicas e fisiográficas, oferecem poucas alternativas para cultivo de sequeiro para estas regiões, onde predominam solos rasos e com baixa capacidade de infiltração, ocorrendo os luvisolos não cálcicos, neossolos litólicos e as areias neossolos quartzônicas (CUNHA et. al., 2010).

Com referência ao clima, o semi-árido é caracterizado pelo balanço hídrico negativo resultante, segundo os técnicos da SUDENE (1996), de precipitações médias anuais inferiores a 800 mm, insolação média de 2800 h/ano, temperaturas médias anuais de 23 °C a 27 °C, evaporação de 2000 mm/ano e umidade relativa do ar média em torno de 50% (EMBRAPA, 2002)

O Semiárido brasileiro é determinado segundo três critérios: Precipitação média menor de 800 mm/ano, índice de aridez de até 0,5 e risco de seca maior que 60% (BNB, 2013; SALES et al., 2015). Dos nove estados que fazem parte desta região a Bahia detém a maior parte do território, respondendo sozinho por 23% dos municípios e 40% do território do semiárido brasileiro, assumindo, portanto, relevância no planejamento político e ações estratégicas (IBGE, 2018). Dessa maneira a indicação de culturas apropriadas para estas condições

requerem material que possibilitem rentabilidade às comunidades que dependem desses locais para sobrevivência (PUTTINI et al., 2014).

O Brasil apresenta grande potencialidade para a produção de biomassa de mamona, decorrente principalmente de sua grande extensão de terras e condições edafoclimáticas favoráveis a cultura (SAHA et al., 2015). Para Fioreze et al. (2016), a mamoneira, apresenta elevada capacidade de adaptação às adversidades ambientais, tendo nas suas múltiplas aplicações elevada importância, imprimindo à cultura um alto valor socioeconômico, sendo um dos motivos primordiais para sua implantação em várias regiões do Brasil, destacando-se como maiores produtores os estados da Bahia, Ceará, Minas Gerais e Pernambuco (CONAB, 2018).

Ensaio de cultivares

Vale ressaltar que a avaliação de cultivares é um dos pontos básicos a serem observados no momento da recomendação para uma região, ou seja, os mais adaptados apresentam melhores condições de produção e conseqüentemente produtividade, atrelado à interação genótipo com o ambiente (YUYAMA, 1991). Essa interação reflete o potencial do genótipo ao ambiente no qual se encontra. Por esse motivo a recomendação deve ser feita após a realização de ensaios que devem utilizar o maior número de cultivares, permitindo selecionar de forma mais precisa aquelas mais adaptadas.

Dessa forma, o Recôncavo Baiano tem na cultura da mamona uma alternativa a mais para a agricultura, uma vez que, devido aspectos como período chuvoso que difere das regiões produtoras, podem abastecer o mercado no período da entre safra, uma vez que se encontra próxima as usinas produtoras de biodiesel, reduzindo custos, e elevando a competitividade. Por apresentar grande importância para a região Nordeste, a ricinocultura necessita de suporte quanto à pesquisa, para que a geração das informações alcance diversas regiões. Por esse motivo, os ensaios com cultivares, devem ocorrer concomitantemente em diversos locais, não apenas onde o estudo é desenvolvido, promovendo ganho de tempo e economia da pesquisa, por aumentar a possibilidade de indicar um cultivar que atenda a demanda.

As avaliações que determinam as melhores cultivares devem ser realizadas durante todo o período de desenvolvimento da cultura, no qual são

analisados caracteres morfológicos e fisiológicos (YUYAMA, 1979). A indicação de uma cultivar deve ser avaliada observando vários aspectos que convergem para produtividade como, ciclo, estande, acamamento, altura de plantas, inserção dos racemos entre outros, que devem ser compatíveis, e minimizem as perdas durante a colheita.

Novos cultivares estão cada vez mais disponíveis, sendo necessário estudo quanto ao seu desempenho vegetativo e produtivo quando submetidos a diferentes condições edafoclimáticas. Assim, cada vez mais, têm-se buscado soluções para os diversos problemas agronômicos relacionados à sua produção.

ASPECTOS BOTÂNICOS

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) pertencente à Família Euphorbiaceae e considerada monotípica, sendo a única espécie do gênero (Perry 1943). É diploide, $2n=20$ cromossomos, com genoma de 350,6 Mb que foi o primeiro da família Euphorbiaceae a ser sequenciado (Perry 1943; Chan et al., 2010).

A planta da mamoneira é classificada como um arbusto, que pode variar de 2,5 m, chegando a ser encontrada com altura superior a 10 m, apresentando folhas grandes, com diversas tonalidades do verde claro ao avermelhado, com larguras variando de 15 a 30 cm e em forma de palma com lóbulos variando de 5 a 11 unidades (FONSECA et al., 2014).

A inflorescência apresenta-se em sua maior parte com flores masculinas, localizadas na porção inferior e flores femininas, situadas na porção superior, podendo ocorrer de forma entremeada em algumas plantas (OLIVEIRA et al., 2007; FRIEDMAN et al., 2010). Os frutos apresentam-se em cápsulas com acúleos (falsos espinhos), com 1,31 a 2,65 cm de diâmetro, e coloração inicial verde, passando a amarelo e quando o completo amadurecimento marrom, com possibilidade de abertura e expulsão das sementes. Cada cápsula possui três compartimentos contendo em seu interior uma semente, com formato de carrapatos (FRIEDMAN et al., 2010). Estas sementes podem ser lisas, pretas, vermelhas ou marrons com manchas brancas, amareladas, brancas ou avermelhadas (OLIVEIRA, et al., 2007).

A mamoneira possui uma raiz do tipo pivotante que pode atingir até 1,50 m de profundidade e, lateralmente, se estender por mais de três metros, o que permite que a planta explore grande volume de solo. Quando jovem, o caule da planta apresenta-se brilhante, tenro e suculento. Os caules são ocos quando a planta é jovem, mas com o tempo tornam-se lenhosos. Apresenta grande variação na coloração, podendo ser verde, arroxeadado e vermelho, apresentar cera, rugosidade e nós bem definidos, com cicatrizes foliares proeminentes (EMBRAPA, 2005).

IMPORTÂNCIA SOCIOECONOMICA DA MAMONEIRA

A importância socioeconômica da cultura está relacionada com a geração de emprego e renda em torno da cadeia agroindustrial, impulsionando a produção e expansão dos cultivos, principalmente em áreas periféricas dos grandes centros produtivos, acarretando positivamente uma produção temporária, que pode coincidir com o período da entressafra e pela resistência aos períodos de estiagem, possibilitando uma alternativa regular de produção e manutenção de fonte de emprego e renda para a população rural (BRASIL, 2004; CAMPOS e CARMÉLIO, 2009). Mantendo-se a ocupação durante boa parte do ano, diminuindo a pobreza no meio rural e conseqüentemente a migração de mão de obra para os grandes centros, evitando o êxodo rural desordenado quando da frustração das lavouras de subsistência (ITURRA, 2003).

Sendo assim, o cenário existente é favorável para inserção dos pequenos produtores no agronegócio da mamoneira, visando atender a grande demanda das unidades de beneficiamento (PAULA NETO et al., 2006). Porém, a realidade enfrentada pela maioria dos agricultores na região nordeste, imprime a cultura baixa produtividade com apenas 645 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2019), sendo considerada baixa, mesmo responsável por 85% da produção nacional. Questões relacionadas à um sistema de produção ineficiente, com baixo nível tecnológico, uso de material predominantemente de variedades locais, sendo muitas vezes de baixa produtividade, com destaque para material, deiscentes, de porte alto, tardias, baixo teor de óleo e susceptíveis às injúrias que podem ser causadas por patógenos ou até mesmo fatores ambientais (QUEIROGA et al., 2011).

Nessa perspectiva a mamoneira, por apresentar elevada capacidade de adaptação ambiental, possuir inúmeras aplicações na indústria, são motivos para que a cultura seja implantada em várias regiões do Brasil, sendo os maiores produtores os estados da Bahia, Ceará, Minas Gerais e Pernambuco (CONAB, 2016).

Com advento da lei nº 11.097, de 13 de janeiro de 2005, que estabelecia a adição de biodiesel ao óleo diesel fóssil, vigorando atualmente pela lei nº 13.263, de 23 de março de 2016 (BRASIL, 2016), o governo permite aumentar os percentuais de adição de biodiesel vegetal ao óleo diesel fóssil, usado como combustível para vários tipos de veículos. O índice da mistura passou para 8% em 2017, com o incremento de um ponto percentual a cada 12 meses, ou seja: 9% até 2018 e 10% até 2019. O estabelecimento da medida representou uma garantia da demanda do produto para o Brasil, por ser o segundo maior mercado consumidor de biodiesel do mundo, aliado a isso, o Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel (PNPB) pelo Governo Federal aparece e dessa forma incentiva a produção e o uso de biodiesel de maneira econômica e sustentável, focando no desenvolvimento regional e na inclusão social, podendo gerar emprego e renda para o meio rural.

Mesmo com o destaque que a cultura da mamona merece e o reconhecimento da importância para a agricultura familiar, ainda se faz necessário políticas públicas governamentais que estimulem a sua produção, além de investimentos em pesquisas locais e em tecnologia de manejo para que realmente possam viabilizar essa atividade agrícola num ambiente competitivo (PINOTTI et al., 2013).

CARACTERIZAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DAS CULTIVARES

A mamoneira é uma planta que apresenta alta variabilidade entre as cultivares, dessa maneira, determinar e conhecer os caracteres que compõem o conjunto de fatores responsáveis pelas diferenças, é de suma importância, permitindo traçar o planejamento dos procedimentos para o melhoramento da cultura (MOSHKIN, 1986).

Avaliar e caracterizar genótipos, para o estabelecimento das diferenças ou semelhanças entre os pares, para assim estimular a sua utilização na geração

de novas constituições ou para recuperar uma determinada cultura, tem sido considerável para Figueiredo Neto et al. (2004). O uso de caracteres morfoagronômicos, preestabelecidos e usados para identificar diferenças fenotípicas, possibilita simplificar a quantificação da variação genética quando levando em conta as interações genótipo x ambiente, concomitantemente, possibilitar avaliar o comportamento dos genótipos no seu meio de desenvolvimento.

Dentre os descritores propostos por Veiga et al. (1989) e atendendo ao disposto no Formulário de Instruções para Execução dos Ensaio de Distingibilidade, Homogeneidade e Estabilidade de Cultivares de Mamona (*R. communis*) do MAPA (BRASIL, 2008), podem ser mencionados: altura de planta; altura do caule; diâmetro do caule; comprimento médio dos internódios; coloração e cerosidade do caule; coloração da folha adulta; coloração da nervura; coloração da folha jovem; coloração do estigma; densidade de frutos no racemo; número de racemos, coloração do fruto; presença de espinho e cor do acúleo.

De acordo com Nóbrega et al. (2001), outra referência para a descrição da mamoneira, é a produtividade de grãos que é classificada como baixa quando a produtividade é menor que $1500 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, média com produtividade 1500 a $2000 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, alta 2001 a $3000 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e muito alta quando acima de $3000 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Quanto à altura, a classificação de plantas varia desde anã, com altura menor que $0,90 \text{ m}$, muito baixa quando entre $0,90$ a $1,50 \text{ m}$, baixa quando apresenta altura de $1,51$ a $2,0 \text{ m}$, média com altura de plantas $2,01$ a $2,50 \text{ m}$, alta com altura entre $2,51$ a $3,0 \text{ m}$ e muito alta, quando acima de $3,0 \text{ m}$. Para o ciclo da planta, a classificação é realizada de muito precoce, quando menos de 140 dias, precoce quando entre 141 a 180 dias, médio para 181 a 210 dias, tardio para 211 a 250 dias e, muito tardio quando acima de 250 dias. Para diâmetro do caule, plantas com diâmetro inferior a $3,5 \text{ cm}$ são consideradas de diâmetro fino, entre $3,5$ e $4,5 \text{ cm}$ é médio, grosso se estiver na faixa de $4,6$ a $5,5 \text{ cm}$ e muito grosso quando for superior a $5,5 \text{ cm}$.

Os teores de óleo das sementes variam de 35 a 55% , cujo padrão comercial é de 45% (VIEIRA et al., 1998). No entanto, MILANI et al. (2006) relatam que há registros de mamona com até 62% de óleo nas sementes. Deste modo, a quantificação do teor de óleo da semente também é uma avaliação importante nos programas de melhoramento genético da mamoneira. O método

oficial utilizado na quantificação do teor de óleo em sementes, segundo a IUPAC, é a extração a quente por meio de extratores Soxhlet. No entanto, ao dispor de um grande número de amostras, o custo individual de cada análise, por meio de extratores Soxhlet, é alto, além de demorada. Sendo assim, atualmente, a técnica de RMN (Ressonância Magnética Nuclear) ou outra técnica onde emprega a espectroscopia no infravermelho próximo – NIR (Near Infrared Spectroscopy) para análise de teor de óleo em sementes, vem sendo empregada com sucesso. Por ser uma técnica que possibilita a realização de análises com precisão, rapidez, baixo custo e pouca manipulação de amostras (SIMEONE et al., 2013).

MELHORAMENTO DA MAMONEIRA

Os programas de Melhoramento Genético têm o propósito de identificar plantas que atendam às exigências de produtores, comerciantes e principalmente consumidores. Entretanto, a escolha de genitores, é uma etapa de extrema importância, pois, se essa seleção for eficiente, ao serem cruzados produzirão híbridos, e posteriormente, populações segregantes potencialmente promissoras (LORENCETTI et al., 2005). A escolha de genitores potencialmente capazes de gerar genótipos superiores, acontece quando da junção de uma alta média com uma grande variabilidade genética para o caráter desejado (MACHADO, 1999).

Todavia, a cultura da mamona ainda apresenta problemas devido à falta de uma maior disponibilidade de cultivares melhoradas, que atendam os agricultores, em suas mais variadas regiões. Por isso, pesquisas com o melhoramento genético da cultura devem atender a diversos objetivos, principalmente ao aumento da produtividade, teor de óleo da semente, resistência a moléstias atendendo sobre tudo ao seu zoneamento (CUNHA et al., 2017).

No Brasil, estudos com a cultura da mamoneira, teve início por volta de 1936, quando o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), passou a realizar o melhoramento genético da espécie com o objetivo de desenvolver cultivares mais produtivas, resistente às doenças e pragas e com outras características agrônomicas desejáveis. Assim, diretrizes que nortearam estudos para o uso racional da cultura foram estabelecidas, implantando as bases para os avanços no aproveitamento econômico, através do Plano Geral dos Trabalhos em Execução nas Seções de Genética e Plantas Oleaginosas.

Para identificação de cultivares mais produtivas, diversos ensaios de competição de genótipos de mamoneira foram instalados a partir de 1937 como parte de pesquisa do IAC, destacando-se naquela época as cultivares Zanzibar e Sanguínea e nos anos seguintes, novos materiais como IAC 38, Campinas, Guarani, IAC 80 e a IAC 226. Geralmente o lançamento do cultivar subsequente à primeira, indica alteração em seus caracteres, seja ele, adaptativo, reprodutivo ou produtivo, dessa maneira podemos citar o problema de deiscência da cultivar IAC 38, que utilizando a técnica de hibridação, transferiu o caráter indeiscência do fruto da cultivar Cimarron para a IAC 38, obtendo assim a cultivar Campinas (BANZATTO et al., 1963).

Outras Instituições de pesquisa como a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ, a Universidade Federal de Viçosa – UFV, a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais – EPAMIG, a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará – EPACE e a Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária – IPA trabalham na pesquisa genética da mamoneira ou nos testes de comparação de cultivares (TÁVORA et al. 1974; CRISÓSTOMO et al., 1975; RIBEIRO FILHO, 1966; GONÇALVES et al. 1981).

No Estado da Bahia os trabalhos envolvendo o melhoramento da mamoneira, foi iniciado na década de 60 pelo Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Leste – IPEAL. A partir de 1974, as pesquisas passaram a serem conduzidas pela Empresa de Pesquisa Agropecuária da Bahia (EPABA), tendo desenvolvido e distribuído várias cultivares, dentre as quais se destacaram: SIPEAL 1, SIPEAL 2, SIPEAL 3, SIPEAL 4, SIPEAL 5, SIPEAL 6, SIPEAL 7, SIPEAL 9, SIPEAL 13, SIPEAL 19, SIPEAL 25, SIPEAL 28 e EPABA 2. (CRISÓSTOMO *et al.*, 1975).

Com a fusão entre a Empresa de Pesquisa Agropecuária da Bahia (EPABA) e a Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural da Bahia (EMATER-BA), surge em 1980, a Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA), que passou a coordenar no estado, pesquisa para a cultura da mamona, tendo como sede de referência o Escritório Regional da EBDA em Itaberaba, no qual inúmeros experimentos foram conduzidos. Durante os anos da atividade voltada para a cultura, a EBDA em parceria com diversas instituições de pesquisa (EMBRAPA, UFRB/NBio entre outras) atuou sempre buscando cultivares que atendessem as condições da região semiárida brasileira, e assim lançou materiais

promissores como a BRS Paraguaçu, BRS Nordestina, EBDA MPA 11, e EBDA MPB 01, EBDA MPA 34 e EBDA MPA 35.

Nessa perspectiva, objetivando a obtenção de plantas com superioridade para os caracteres interesse de produção e atendendo as diversas regiões do estado da Bahia, no ano de 2005, o Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO), pertencente à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), localizada em Cruz das Almas-BA, iniciou os trabalhos de melhoramento da mamoneira com a introdução de cultivares, hibridações controladas, melhoramento assistido por marcadores moleculares, estudos protéicos, resistência ao mofo cinzento e ensaios VCU e DHE, cujo principais objetivos são o aumento do teor de óleo na semente, redução de estatura da planta, ajuste de florescimento às regiões, resistência e/ou tolerância ao mofo cinzento, para o alcance de maiores produtividades para a cultura.

Na sequência de estudos, Cerqueira (2008) avaliou a variabilidade genética, bem como o teor de óleo das cultivares Sipeal 28, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, Mirante 10 e EBDA MPA 17 e Bahia et al. (2008) avaliaram a divergência genética destes genótipos, para identificar a possibilidade de cruzamentos genéticos como estratégia geração de populações segregantes para o melhoramento da espécie, ambos visando ao melhoramento para região de baixa altitude e semiárida.

Já entre os anos de 2008 a 2010, Passos et al. (2010), realizaram várias hibridações dos indivíduos contrastantes e avaliaram os parâmetros genéticos da população fixa (F1) e das segregantes (F2) e seus retrocruzamentos (RC1 e RC2) e como resultado sugerem o melhor método de condução de população segregante, adotando o SSD ou o genealógico como os mais promissores.

Dando seguimento aos estudos com a cultura, Oliveira et al. (2013) e Santos et al. (2019) conduzindo as gerações por autofecundação e avaliando caracteres morfoagronômico; Diamantino et al. (2012) e Machado et al. (2016) utilizando a técnica de marcadores moleculares para identificação de indivíduos polimórficos, selecionaram aquelas constituições de interesse e divergentes, as quais passariam a fazer parte do banco de germoplasma da cultura do NBIO.

Com os trabalhos iniciados e estabelecimento dos genótipos base, inúmeros trabalhos foram desencadeados, buscando a seleção das melhores constituições, a exemplo do trabalho desenvolvido para detecção de constituições

mais resistentes à fungicidas desenvolvidas por Prazeres (2009); genotipagem, teor de óleo, otimização do método gravimétrico e desenvolvimento de marcadores microssatélite em *Ricinus communis* L., desenvolvida por Machado et al. (2014); seleção de linhagens elites de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio do desempenho morfoagronômico e molecular no Estado da Bahia, conduzida por Santos (2013) e Santos et al. (2019); seleção de linhagens elites de mamoneira por meio de marcadores microssatélites e informação conjunta para os caracteres teor de óleo e peso de sementes conduzida por Brasileiro (2013); avaliação da interação G x E, Adaptabilidade e estabilidade de linhagens e cultivares de mamoneira no estado da Bahia, Silva (2016), concomitante foi realizado a discriminação de linhagens de mamoneira quanto aos caracteres agronômicos e sua relação à resistência ao mofo cinzento em dois anos de cultivo estudos realizados por Felix (2013) e Reis (2016).

Diversos estudo desenvolvidos pelo NBio ao longo desses anos, na busca por cultivares que atendam a demanda do mercado existente, culminou com encerramento de um ciclo, no qual foram alcançados os objetivos e com isso três cultivares desenvolvidas pelo Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia da UFRB - NBIO, seguem os trâmites legais para serem lançados no mercado.

Dando seguimento aos estudos, um novo ciclo começa a partir do presente trabalho, na busca de novas cultivares ainda mais promissoras, e que atendam aos critérios de: porte baixo da planta, o tipo de ramificação, o grau de deiscência dos frutos, o número de racemos por planta, as porcentagens de flores femininas, o peso de cem sementes, o teor de óleo e a produtividade. Considera-se, ainda, o comportamento do material em seleção quanto à tolerância as principais pragas e doenças da mamoneira.

DETERMINAÇÃO DE VARIABILIDADE GENÉTICA

As diferenças existentes entre indivíduos, revelam a diversidade gerada de forma natural no ambiente ao qual estão inseridos, sendo requisito primordial para o seu aproveitamento no melhoramento genético, por possibilitar a realização de recombinações da variabilidade, oportunizando o surgimento de novos indivíduos geneticamente diferentes através da hibridação (COSTA et al., 2006). Os híbridos, são em sua essência, plantas heterozigóticas, podendo

apresentar ou não heterose, base para a avaliação da diversidade genética, por meio das diferenças moleculares, morfológicas, fisiológicas, determinando a dissimilaridade que apresenta, por sua vez, entre os genótipos a magnitude da diversidade genética (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

A variabilidade genética entre os caracteres de importância agrônômica, é requisito básico a ser alcançado ao se pensar no melhoramento vegetal (BUSO et al., 2003; RÊGO et al., 2006). Para CRUZ et al., (2004) obter genótipos superiores dentro de uma determinada população, tem uma maior probabilidade quando, por meio de combinações híbridas, realizadas com conhecimento da variabilidade existente, produzam genótipos com maior efeito heterótico, possibilitando nas gerações segregantes, maiores variâncias genéticas para os caracteres de interesse.

A diminuição da variabilidade em uma determinada população pode acarretar inúmeros problemas, principalmente aqueles relacionados aos ganhos adicionais, quando da seleção de genótipos sem essa possibilidade, por existir um conjunto restrito de genes (HANSON, 1959). Desse modo, a seleção de genótipos divergentes para caracteres de interesse é de extrema importância, por possibilitar ampliação no conjunto gênico.

Assim, as coleções ou bancos de germoplasma tem como objetivo, manter um grande número de indivíduos que representem de forma potencial a variabilidade de uma dada espécie, servindo como base para os trabalhos de melhoramento (FRANKEL et al., 1970). O tamanho das coleções é quem condicionará o uso, acessibilidade e aplicabilidade sendo, portanto, inversamente relacionados ao seu tamanho. Tentando minimizar as limitações, surge então, a ideia da construção das coleções nucleares, que nada mais é, do que um limitado grupo de acessos representando, com um mínimo de repetitividade, a máxima diversidade genética conservada de uma espécie e seus parentes silvestres, ou seja, representa com o máximo de fidelidade possível a riqueza alélica presente em determinada coleção (FRANKEL, 1984).

A descrição e manipulação dos recursos genéticos vegetais necessitam, para o seu uso, do estudo da variabilidade genética presente na população (VALOIS et al., 1998). Geralmente quando demandam prospecção, conservação, caracterização e uso do germoplasma são indispensáveis quanto ao suporte na

inserção de materiais com superioridade que atendam as demandas dos programas de melhoramento genético (FALEIRO et al., 2005).

Diante disso, os programas de melhoramento genético devem ser dinâmicos e representar uma oportunidade de ofertar novos genótipos às exigências prementes dos sistemas agrícolas, auxiliando a pluralização desses sistemas, além de favorecer o regime técnico-econômico das commodities agrícolas.

AValiação DOS CARACTERES

A caracterização morfoagronômica pode ser avaliada por diversos métodos, dentre eles o nível de entropia pelo coeficiente de Rényi (1961), que consiste em uma medida da frequência da distribuição das linhagens em cada uma das classes fenotípicas do descritor qualitativo avaliado, indicando a presença ou ausência de variabilidade. Vieira et al. (2008), aplicaram esta metodologia em descritores morfológicos e encontraram no Banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados elevado nível de entropia para os descritores cor externa do caule, cor do pecíolo, forma do lóbulo central e cor da folha apical. Por outro lado, foram detectadas menores entropias para hábito de crescimento do caule, floração, textura da epiderme da raiz e constrições da raiz. Outros autores aplicaram a metodologia de análise da frequência das classes fenotípicas em mamoneira, como por exemplo, Rodrigues et al. (2014), que identificaram variabilidade nos caracteres coloração, formato do racemo e tipo de ramificação, densidade dos frutos, deiscência e presença de espinhos, concluindo-se que os acessos avaliados são fontes de germoplasma para programas de melhoramento genético. Já Moulin et al. (2014), caracterizaram morfológicamente acessos de batata-doce e verificaram que as características com maior variabilidade foram cor da pele e o formato das raízes, e por contribuir de forma significativa na diferenciação dos grupos podem ser importantes descritores no agrupamento dos acessos.

A análise de divergência genética permite quantificar a variabilidade genética de uma espécie presente em um banco de germoplasma, tanto para sua conservação como forma de identificar materiais semelhantes e divergentes, como também para seu uso em programas de melhoramento, por possibilitar a

seleção de indivíduos superiores em uma população melhorada, ou a recombinação de genótipos, e quais são os descritores que mais contribuíram para a divergência. No melhoramento e conservação de bancos de germoplasma, pode contemplar um conjunto de dados fenotípicos adequados que se referem à avaliação de características de distribuições contínuas ou discretas, sendo esta última multicategórica ou binária. Com base na matriz de dissimilaridades que apresenta a distância entre cada um dos indivíduos, empregam-se métodos multivariados de agrupamentos para estabelecer quais são os indivíduos que são geneticamente semelhantes, ou seja, que pertencem ao mesmo grupo (CRUZ; FERREIRA e PESSONI, 2011).

Dentre os métodos de agrupamento há o da Variância Mínima proposto por Ward (1963), em que os grupos são formados, com base na soma de quadrados dos desvios (SQ) em relação à média dentro dos grupos. Este método mostrou-se bastante eficiente no estudo de divergência genética em mamoneira conduzido por Oliveira et al. (2013), permitindo identificar a variabilidade na população F3, bem como a formação de grupos coerentes com o comportamento biométrico da população. O método de Otimização de Tocher que mantém a distância média intragrupo inferior à distância média intergrupo também foi utilizado para avaliar a divergência genética em mamoneira. Costa et al. (2006) usaram a distância Euclidiana média como medida de dissimilaridade e verificaram a formação de dois grupos, a distância intergrupos foi de 10,72 e a intragrupo foi de 5,88 para o grupo I, os descritores de maior importância para a divergência foram: início do florescimento, altura da planta, teor de óleo das sementes e comprimento efetivo do racemo primário, e o descritor que menos contribuiu para a divergência genética foi potencial produtivo, enquanto o número de racemos por planta apresentou contribuição nula.

MARCADORES MOLECULARES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA MAMONEIRA

Os marcadores moleculares baseados no DNA, atuaram como ferramentas versáteis e descobriram sua própria posição em vários campos como taxonomia, melhoramento genético de planta, engenharia genética, etc. (JOSHI et al., 2011). O uso de marcadores moleculares para aumentar a eficácia na seleção

e reduzir significativamente o tempo de desenvolvimento das variedades vem sendo amplamente utilizado em programas de melhoramento genético. Os melhoristas de plantas consideram a seleção assistida, como uma ferramenta complementar no estabelecimento dos programas de melhoramento de plantas (JOSHI et al., 2011).

Os primeiros marcadores utilizados pelos naturalistas para identificação, descrição e classificação dos seres vivos foram os morfológicos (MUHLENS et al., 2000). Esses marcadores são controlados por genes associados a caracteres morfológicos, em geral de fácil identificação visual. Conforme relata Castellen (2000) os marcadores morfológicos apresentam a desvantagem de serem controlados por um baixo número de loci e, também, poucas espécies apresentarem características de fácil identificação com herança mendeliana simples. Outras desvantagens são presença de um pequeno número de marcadores morfológicos ligados a genes de importância econômica e o fato desses marcadores somente serem identificados, em sua maioria, na planta adulta (FERREIRA et al., 1998).

Os marcadores moleculares permitem compreender e organizar a variabilidade genética de um programa de melhoramento de forma única, acessando a variabilidade de DNA, o qual não é influenciado pelo ambiente. Entretanto, a análise com marcadores moleculares, dependendo do objetivo do melhoramento, pode ser utilizada com caracteres morfoagronômicos pois o valor dos resultados obtidos está na análise combinada com estas características (FERREIRA et al., 1998).

Existem diversos tipos de marcadores moleculares, os quais são diferenciados pela técnica aplicada para identificar a variabilidade em nível de DNA, variando assim em relação à habilidade de detectar diferenças entre indivíduos.

A facilidade, rapidez, versatilidade e sensibilidade da PCR (Polymerase Chain Reaction) a tornaram uma ferramenta poderosa para estudos genéticos moleculares envolvendo grande número de indivíduos de qualquer organismo vivo. Uma das variações da técnica de PCR descrita por Saiki et al. (1985) foi a tecnologia do RAPD (Polimorfismo do DNA Amplificado ao Acaso) (WILLIAMS et al., 1990). A técnica do RAPD consiste na extração do DNA de indivíduos, amplificação de fragmentos destes DNAs pela técnica de PCR, separação de

fragmentos amplificados de comprimentos diferentes por eletroforese em gel de agarose e visualização de bandas por meio de coloração dos fragmentos de DNA com brometo de etídio, diretamente no gel (SAKIYAMA, 1993).

O SSR (simple sequence repeats) é um método baseado em microssatélite, que não necessita do conhecimento prévio do genoma e desenho do primer clonado (ZIETKIEWICZ et al., 1994; REDDY et al., 2002). O marcador SSR é baseado na amplificação da região repetida usando dois primers loco-específicos, enquanto que em ISSR, um único primer composto por uma sequência do microssatélite usualmente de 16-25 pb de comprimento é utilizado para amplificar principalmente as sequências Inter-SSR de diferentes tamanhos. Apesar de serem dominantes, os marcadores ISSR têm a vantagem de analisar loci múltiplos em uma única reação (GOULÃO et al., 2001).

Segundo Mukherjee et al. (2010), os microssatélites fornecem resultados altamente reprodutíveis e gera abundante polimorfismo em muitos sistemas, assim, vem sendo utilizado nos programas de melhoramento de algumas culturas por permitirem diversas finalidades dentre elas a identificação da variabilidade genética, a avaliação do grau de associação genética entre parentes e o desempenho dos híbridos para a construção de mapas genéticos (QUEIROZ et al., 2010).

O polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), passaram a constituir uma importante ferramenta, pela abundância e distribuição no genoma, que após identificação a genotipagem SNP pode ser feita usando qualquer um dos métodos existentes. A identificação da diversidade de sequências de várias espécies estão agora disponíveis (Chen et al. 2014 ; Xu et al. 2014 ; Chung et al. 2014) podendo ser utilizada nas mais variadas análises. As alterações encontradas nos genomas e identificação dos SNP's podem indicar as alterações sofridas pelos genes de importancia para a cultura, mediante a alteração da sua função, promovendo as variações fenotípicas (Shirasawa et al. 2016). Os polimorfismos de DNA mais abundantes nas seqüências do genoma são os SNPs e acredita-se que eles desempenhem um papel importante na indução de variações fenotípicas. Existem muitos relatos sobre a descoberta de SNP funcional específica para todo o genoma ou genômico em diferentes variedades ou linhas de reprodução, que estão associadas a diferentes alterações fenotípicas (Kharabian-Masouleh et al. 2012 ; Kumar et al. 2014 ; Jang et al. 2015).

Com as vantagens apresentadas com o uso dos marcadores moleculares, diversos trabalhos são encontrados na literatura, a exemplos de marcadores do tipo RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) como abordado por Gajera et al. (2010), Machado et al. (2013), Kumari et al. (2018), e Vivodík et al. (2019). Entre os que utilizaram marcadores do tipo SSR encontram-se Bajay et al. (2009), Bajay et al. (2011), Seo et al. (2011), Machado et al. (2011), Diamantino et al. (2013), Santos et al. (2019); Silva et al., (2019). E marcadores ISSR que foi realizado por Gajera et al. (2010) entre outros.

A partir das informações apresentadas, objetivou-se avaliar a população F2 de mamoneira, envolvendo 600 genótipos por meio da caracterização morfoagronômica, estimativa dos parâmetros genéticos e caracterização molecular, visando à seleção de linhagens elites.

Marcador SSR (simple sequence repeats)

As Sequências simples repetitivas ou microssatélites são sequências muito curtas, de 1-6 pb que podem se repetir em tandem, ou seja, uma cópia atrás da outra (FALEIRO, 2007) flanqueadas por sequências únicas (MILLACH, 1999). Esses marcadores revelam polimorfismo em um loco devido a diferença no número de vezes em que um nucleotídeo se repete naquele loco (BUSO, 2003). Os primers utilizados para a amplificação via PCR são específicos, e se anelam nas regiões que flanqueiam os microssatélites, geralmente com tamanho entre 20 e 30 pb, número suficientemente grande para que este primer não encontre outra sequência complementar que não a do microssatélite, o que restringe o uso à espécie em estudo. Nesse sentido é necessário primeiramente o desenvolvimento dos primers para a espécie por meio da construção de bibliotecas genômicas, seleção de clones positivos utilizando-se como sondas sequências repetitivas, e posterior sequenciamento para finalmente desenhar os primers, que em alguns casos, poderão ser usados em espécies geneticamente relacionadas (FALEIRO et al., 2003; HOFFMANN e BARROSO, 2006). Deve-se ainda observar entre os possíveis primers, utilizando-se programas computacionais, a presença de grampos (anelamento do primer com ele mesmo) e dímeros (anelamento de dois primers) (HOFFMANN e BARROSO, 2006). A temperatura de anelamento dos primers microssatélites deve ser otimizada afim de melhorar a especificidade do

primer e obter ampliações nítidas. O uso de termocicladores com gradiente de temperatura, facilita a otimização (BUSO et al., 2009).

Com o sequenciamento da mamona, primeira espécie da Família Euphorbiaceae a ter o genoma totalmente sequenciado (350,6 Mb), por Chan et al. (2010), é possível ampliar o número de iniciadores SSR, visando, dessa forma, uma maior saturação do genoma. Assim, trabalhos como os desenvolvidos por Bajay et al. (2011) e Machado et al. (2013), permitem o desenvolvimento de iniciadores do tipo SSR, a serem utilizados em estudos de diversidade e possível mapeamento genético.

O Laboratório de Genética Vegetal da EMBRAPA CENARGEN (Recursos Genético e Biotecnologia), desenvolveu primers SSR para várias espécies, como o eucalipto (BRONDANI et al., 1998), pequi (COLLEVATI et al., 1999), pimentas e pimentões (BUSO et al., 2000), feijão (BUSO et al., 2001b), arroz (BRONDANI et al., 2001), melão (RITSCHER et al., 2004), dentre outras espécies de importância econômica. Após a otimização, a amplificação pode ser visualizada em gel de agarose 3,5% ou em gel de poliacrilamida 5%, com coloração com nitrato de prata (AgNO_3) e revelação com carbonato de sódio anidro (Na_2CO_3) (BASSAM et al., 1991; CRESTE et al., 2001). A principal vantagem do uso de microssatélites se encontra no fato de ser um marcador codominante que gera grande riqueza de informação genética, com alto nível de polimorfismo e reprodutibilidade além da possibilidade de detecção de vários marcadores no mesmo gel (multiplex) sendo mais rápido e eficiente quando comparado a outros tipos de marcadores (FALEIRO, 2007; ARAGÃO, 2011). Estes marcadores são abundantes e uniformemente distribuídos pelo genoma de eucariotos, podem ser multialélicos e apresentam alta heterozigosidade. Sua aplicação tornou um marcador de excelência na última década (KALIA et al., 2011; ZANE et al., 2002). As principais desvantagens incluem o alto custo requerido do desenvolvimento de primers e a especificidade estreita dos mesmos, além da intensiva mão de obra para desenvolvê-los (BUSO, 2003). A caracterização molecular por meio do uso de marcadores microssatélites tem sido a técnica mais utilizada em estudos de divergência genética de melão, na última década (FUKINO et al., 2008; SZABÓ et al., 2005; GARCIA-MAS et al., 2004; DANIN-POLEG et al., 2001).

ESTATÍSTICA

PARÂMETROS GENÉTICOS

É de fundamental importância conhecer o quanto das diferenças notadas na característica de interesse do melhoramento é devido aos fatores genéticos, e o quanto serão transmitidas às próximas gerações. No entanto, não é possível estimar com exatidão o valor genético, pois o resultado do fenótipo está ligado aos fatores genéticos o qual sofre influência direta do ambiente, associado ainda à interação entre os efeitos de genótipo e ambiente (TROVO et al., 1995).

Estimar os parâmetros genéticos possibilita conhecer a estrutura genética de uma população, deduzir sobre variabilidade genética existente propiciando recursos, os quais possibilitem prever os ganhos genéticos e o êxito provável no melhoramento. O pesquisador Blind et. al., (2018) analisando parâmetros genéticos da bucha vegetal (*Luffa cylindrica* L.), constatou variabilidade genética e alta herdabilidade para os caracteres de interesse no germoplasma, possibilitando o aumento da produção via seleção.

A estimativa do valor genético é obtida da estimação dos efeitos genéticos aditivos, não-aditivos e ambientais. Sendo esses que determinam os elementos de variância e o produto da soma das variâncias associadas a esses efeitos equivale à variância fenotípica. Conhecendo esses fatores é possível estimar com maior acurácia os parâmetros, bem como os valores genéticos, o que permite identificar o potencial de transmissão das características para as gerações futuras (MUCARI et al., 2003).

De posse das estimativas, o melhoristas tem a seu favor, informações de elevada importância, podendo redirecionar os métodos de melhoramento para melhor atender a sua demanda, no reconhecimento da natureza da ação dos genes envolvidos no comando ou controle dos caracteres quantitativos, na indicação das diferentes ações de melhoramento para o alcance dos melhores ganhos genéticos mantendo a base genética da população dentro do equilíbrio favorável ao propósito (CRUZ et al., 2006).

Vale ressaltar que cada população possui seus parâmetros característicos, podendo sofrer algumas alterações em consequência da seleção, métodos e modelos de estimação, mudanças no manejo, entre outros fatores que os modificam (SENA, 2011; YOKOO et al., 2007; RAMALHO et al., 2000).

Na sua grande maioria, os caracteres agronômicos de maior importância para as culturas, são de características quantitativas, como por exemplo à produtividade. A avaliação dessa categoria de variáveis, as quais são influenciadas em sua grande parte pelo ambiente e com elevada complexidade genética, necessita de ferramentas genéticos-estatísticos para sua mensuração. O conhecimento sobre a magnitude dos coeficientes de variabilidade e de herdabilidade possibilitam prever o impacto da seleção e delinear o esquema do melhoramento.

Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos de maior importância dentro do melhoramento, pois expressa a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica, sendo por tanto, um parâmetro genético imprescindível para qualquer programa de melhoramento. Assim, a herdabilidade pode ser compreendida como parte da variabilidade observada (fenótipo) correspondente aos fatores genéticos que podem ser repassados de pais para os filhos, ou seja, é a porção da variabilidade observada (fenotípica) que se deve a fatores genéticos que são transmitidos de uma geração à outra. (FALCONER et al., 1996).

A estimativa da herdabilidade (h^2) de uma determinada característica pode ser obtida a partir do momento que os componentes de variância são determinados. Ela resulta da proporção da variância fenotípica revelada por diferenças entre os indivíduos. No entanto, o seu valor é dependente da magnitude do conjunto de componentes de variância, sendo alterado sempre que uma mudança ocorra em um dos componentes (FALCONER et al., 1996).

A herdabilidade (h^2) é estimada das maneiras a seguir: em sentido amplo, pela equação: $H^2 = \sigma_G^2 / \sigma_P^2$, onde se tem: σ_G^2 - variância genotípica e σ_P^2 - variância fenotípica e no sentido restrito, pela equação: $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_P^2$, onde: σ_g^2 - variância genética aditiva e σ_p^2 - variância fenotípica.

A estimativa de herdabilidade é considerada uma das ferramentas de suma importância na definição de estratégias dos programas de melhoramento genético, podendo variar de 0 a 0,2 (baixa), demonstrando que o ambiente imprime maior contribuição ao fenótipo do que à porção genética; mediana de 0,2 a 0,4 e alta de 0,4 a 1,0 em que revela alta correlação entre o fenótipo e o

genótipo do indivíduo, ou seja, o fenótipo é resultado em grande parte atribuída a parte genética.

Quando o valor da herdabilidade tende ou se aproxima de 1, a eficiência no processo de seleção será mais eficiente, por indicar que a variação fenotípica observada tem origem na genética aditiva, assim como uma alta correlação entre o genótipo e o fenótipo do indivíduo. Desse modo, o resultado da seleção com base em uma determinada característica, ficará condicionado à sua grandeza.

Entropia de Rénye

A entropia clássica é aplicada à termodinâmica como uma importante grandeza física utilizada na Mecânica Estatística e na Termodinâmica para medir o grau de desordem de um sistema, apresentada por essa finalidade por Ludwig Boltzmann e Gibbs (1866). Com a avaliação da desordem estudada na estatística, Shannon (1949) estendeu o uso da entropia para teoria da informação, e posteriormente pela entropia de Rényi a qual se processa por um parâmetro da diversidade ou aleatoriedade de um sistema (ASTINGS et al., 2010; RENYI, 1961). E com o objetivo de avaliar a biodiversidade voltada para a ecologia Hill (1973) passa a usar essa estratégia.

Dessa maneira, a entropia passa a ser utilizada na avaliação da distribuição de um determinado caráter em uma população, e como essa manifestação se dá entre os indivíduos. De acordo com Ledo et al. (2011), o nível de entropia pode ser utilizado para quantificar a variabilidade presente em descritores qualitativos por meio da observação das frequências relativas das classes para cada descritor avaliado, sendo, dessa forma uma importante indicativo daqueles caracteres que encontram-se em equilíbrio ou desequilíbrio dentro da população, direcionando de forma mais assertiva, os programas de melhoramento genético da espécie.

Análise de variância

A análise de variância (ANOVA) é um teste de significância, que utiliza a distribuição F para detectar diferenças entre médias de mais de duas populações, comparando variâncias. Sua aplicação envolve as seguintes considerações relacionadas com as populações em estudo: homogeneidade de variâncias, distribuição normal e que as amostras são mutuamente independentes e obtidas

de forma aleatórias. Visando resumir como os resultados dos cálculos são obtidos, a seguir os principais itens considerados para a interpretação:

Hipóteses

Hipótese nula (H0): Todas as populações têm a mesma média ($\mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_n$.)

Hipótese alternativa (H1): Pelo menos uma das populações apresenta média diferente.

Teste estatístico:

Onde $F_{cal} = S^2_f / S^2_{Res} = QM_f / QM_{Res}$, onde:

QMF - é o quadrado médio do fator que é equivalente sua variância,

QMRes - é o quadrado médio dos resíduos, equivalente a variância dos resíduos.

Valor crítico:

O valor crítico da estatística pode ser obtido de tabela de distribuição F unilateral, considerando $\alpha = 5\%$ e os respectivos graus de liberdade para o fator e para os resíduos. A decisão, como em qualquer outro teste de significância, é de rejeitar H0 se o valor calculado para a estatística de teste for maior que o valor crítico tabelado, ou aceitar H0 caso contrário.

Dissimilaridade - Cálculo da distância genética

Os valores de distância genética entre dois genótipos (dissimilaridade - d_{ij}) são calculados, geralmente, como complemento da similaridade (s_{ij}): $d_{ij} = 1 - s_{ij}$. Outras funções para conversão de similaridade em distância existem e são válidas, como por exemplo, $d_{ij} = -\ln(s_{ij})$

Agrupamento

Com a construção da matriz a partir das distâncias genéticas entre todos os acessos, segue a formação dos agrupamentos. Para tanto, utiliza-se de metodologias de agrupamento. O objetivo destes métodos é juntar aqueles itens com maior proximidade em grupos, resultando em um dendrograma de similaridade, que permite uma visualização mais fácil e rápida dos resultados (Dias, 1998).

Os métodos de agrupamento podem ser divididos em dois grupos, hierárquicos e não-hierárquicos, sendo o primeiro grupo mais utilizado para

análise de divergência genética de espécies vegetais. Dentre os métodos não-hierárquicos, destacam-se os métodos de partição e os métodos de otimização (Dias, 1998). Estes métodos não envolvem construção de árvores ou dendrogramas. Estes métodos são raramente utilizados para análise de divergência genética intra-específica devida, principalmente, a falta de informação prévia sobre o número ótimo de grupos para alocação precisa dos indivíduos (MOHAMMADI et al., 2003).

Para o cálculo deste trabalho será utilizado o método das Médias das distâncias (UPGMA). Inicialmente, agrupam-se os dois acessos de menor distância genética. A partir deste coeficiente, calculam-se as distâncias genéticas dos outros acessos em relação ao grupo inicial, e assim sucessivamente. E por fim uma nova matriz é construída com as novas distâncias. Desse ponto em diante, agrupam-se os acessos com menor distância, e forma-se uma nova matriz, sendo realizadas sucessivas ajustes até completo agrupamentos de todos os acessos, sendo possível a elaboração dos dendrograma de similaridade.

Índice de Seleção – Mulamba e Mock (1978)

São técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Os índices possibilitam a criação de valores numéricos, que servem como uma caráter adicional, de forma teórica, sendo a combinação das características elencadas pelo melhorista como de importância para a cultura, e as quais se desejam selecionar em conjunto (CARNEIRO, 2008).

O índice de Mulamba e Mock (1978) baseia-se na soma de postos (ou “ranks”), que tem como objetivo classificar os genótipos em relação a cada uma das características possíveis de melhoramento. Após a classificação, são somadas as ordens de cada genótipo referente a cada característica, culminando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Divergência por análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas pelo Algoritmo de Gower

O uso do algoritmo de Gower (1971) permite analisar simultaneamente dados quantitativos e qualitativos, permitindo que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessário a padronização das

variáveis quantitativas e qualitativas (SANTOS, 2010). O quantitativo de dados gerados em uma avaliação experimental engloba diferentes dados quantiquantitativo, ou seja, de diferentes categorias o que pode dificultar a análise e interpretação dos resultados. Dessa maneira, análise conjunta, de variáveis pode fornecer melhor indicação da variabilidade existente em uma população.

A análise simultânea é realizada pela distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

em que:

K é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots, p =$ número total de características avaliadas);

i e j dois indivíduos quaisquer;

W_{ijk} é um peso dado a comparação ijk , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas;

S_{ijk} é a contribuição da variável k na similaridade entre os indivíduos i e j , que possui valores entre 0 e 1.

Para uma variável nominal, se o valor da variável k é a mesma para ambos os indivíduos, i e j , então $S_{ijk} = 1$, caso contrário, é igual a 0; para uma variável contínua $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$ onde x_{ik} e x_{jk} são os valores da variável k para os indivíduos i e j , respectivamente, e R_k é a amplitude de variação da variável k na amostra. A divisão por R_k elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo $[0, 1]$ e pesos iguais.

Agrupamentos

Os agrupamentos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética podem ser obtidos pelo método UPGMA - Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (SNEATH e SOKAL 1973). Para validar os agrupamentos formados, normalmente, determina-se o coeficiente de correlação cogenético conforme Sokal e Rohlf (1962). A significância dos coeficientes de correlação cogenético passa a ser calculada pelo teste de Mantel com 1000 permutações (MANTEL, 1967).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, A. V.; BORTOLOZO, F. R.; MORAES, M. L. T. & SÁ, M. E. (2001). Determinação de parâmetros genéticos em população de Gonçalo-Alves (*Astronium fraxinifolium*) através das características fisiológicas da semente. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 60, p. 89-97.
- ALLAN, G. J.; WILLIAMS, A.; RABINOWICZ, P. D.; CHAN, A. P.; RAVEL, J. & KEIM, PAUL S. (2008). World genotyping of castor bean germplasm (*Ricinus communis* L.) using AFLPs e SSR. **Recursos Genéticos e Evolução das Culturas**. 2008; Vol. 55, n ° 3. pp. 365-378.
- ALVES, G. S.; TARTAGLIA, F. L.; BELTRÃO, N. E. M.; SAMPAIO, L. R. & FREIRE, M. A. O. (2015). Densidade populacional e seu efeito na produtividade da mamoneira BRS Energia sob cultivo irrigado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 3, p. 546-554.
- AMÉLIO, D. A. **Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Embrapa, Brasília, DF, ed. 1, p. 73, 2016.
- AZEVEDO, D. M. P. & BELTRÃO, N. E. M. (Ed.). **O Agronegócio da mamona no Brasil**. 2. ed. rev. amp. Campina Grande: Embrapa Algodão; Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2007. 506 p.
- BAHIA, Governo do Estado. Grupo de estudos da mamona. (1968). **Relatório do Grupo de Estudos da Mamona**. Salvador CPE. p. 29-30.
- BANZATTO, N. V.; ROCHA, J. L. Y. & CANECCHIO FILHO, V. (1963). Melhoramento da Mamoneira – Transferência do Caracter Indescência para o Cultivar IAC 38 de Mamoneira. **Bragantia**, v. 22, n. 23, p.291-298.
- BAHIA, H. F.; SILVA, S. A.; FERNANDEZ, L. G.; LEDO, C. A. da S.; MOREIRA, R. F. C. (2008). Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 357-362.
- BANZATTO, N.V.; CANECCHIO FILHO, V. & SAVY FILHO, A. (1980). IAC com novo cultivar de mamoneira. **Dirigente Rural**, v. 19, n.1-2, p.56.
- BELTRÃO, N. E. M. & AZEVEDO, D. M. P. (2003). Fisiologia da mamoneira, cultivar BRS 149 Nordestina na fase inicial de crescimento, submetida a estresse hídrico. **Revista brasileira de oleaginosas e fibrosas**. Campina Grande: Embrapa Algodão, v. 7, n. 1, p. 659-664. jan-abr.
- BELTRÃO, N. E. M. & AZEVEDO, D. M. P. Fitologia. In: AZEVEDO, D. M. P.; BELTRÃO, N. E. M. (Eds.). **O Agronegócio da mamona no Brasil**. 2. ed. Brasília: Embrapa, 2007. 116-137 p.
- BELTRÃO, N. E. M. & CARDOSO, G. D. (2006). Informações sobre o sistema de produção utilizados na ricinocultura na região Nordeste, em especial o semiárido

e outros aspectos ligados à sua cadeia. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006, 6 p. **Comunicado Técnico, 213.**

BELTRÃO, N. E. M. et al. Fitologia. In: AZEVEDO, D. M. P. de; LIMA, E. F. (Eds.). O agronegócio da mamona no Brasil. Brasília: Embrapa informação tecnológica, 2001. cap. 2, p. 37-62.

BIODIESELBR. (2011) - **Óleo de Mamona.** Disponível em: <https://www.biodieselbr.com/plantas/mamona/co-produto-oleo-de-mamona>. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

BIZINOTO, T. K. M. C.; OLIVEIRA, E. G. de; MARTINS, S. B.; SOUZA, S. Â. de, & GOTARDO, M. (2010). Cultivo da mamoneira influenciada por diferentes populações de plantas. **Bragantia** [online]. 2010, vol.69, n.2, pp.367-370. ISSN 0006-8705. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000200014>. Acessado em: 15/05/2019.

BLIND, A. D.; VALENTE, M. S. F.; LOPES, M. T. G. & RESENDE, M. D. V. (2018). Estimativa de parâmetros genéticos, análise de trilha e seleção em bucha vegetal para caracteres agrônômicos. **Revista Brasileira De Ciências Agrárias**, v. 13, p. 1-8.

BNB, (2013). **FNE e o Semiárido: Da Obrigação à Otimização.** Disponível em: https://www.bnb.gov.br/documents/80223/205365/ren_2013_1_fne_e_o_semiarid_o.pdf/87ffae67-d095-4038-bcf1-918797fc1d4a . Acesso em 20 abril. 2019.

BRASIL. **LEI Nº 13.263, DE 23 DE MARÇO DE 2016.** Presidência da República. Brasília, 23 de março de 2016; 195º da Independência e 128º da República. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2015-2018/2016/lei/L13263.htm. Acesso em abril de 2019.

EMBRAPA, (2010). ARAÚJO, J. M. de; CAVALCANTI, J. M.; CARTAXO, W. V.; VALE, D. G.; ALBUQUERQUE, F. A. de; SOUZA, M. F. de; ALVES, I. Sistema de Produção da Mamona (segunda edição) – Embrapa Algodão.

BUSO, G. S. C.; AMARAL, Z. P. S.; MACHAD, F. R. B.; BEM, L. B. & FERREIRA M. E. Variedade Genética e Análise Filogenética de Espécies Brasileiras de Pimenta e Pimentão (*Capsicum* spp). In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2, 2003. **Anais...**Porto Seguro: SBMP 1 CD-ROM.

CAMPOS, A. & CARMELIO, E. de C. (2006). Biodiesel e Agricultura Familiar no Brasil: Resultados Socioeconômicos e Expectativa Futura. In Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior-MDIC/Instituto Euvaldo LodilEL/Núcleo Central. **Série Política Industrial, Tecnológica e de Comércio Exterior-14: O Futuro da Indústria: Biodiesel**, pp. 49-66.

CARVALHO, L. O. de. (1988). **Cultura da mamoneira.** Campinas: CATI. 3p. (CATI.Comunicado Técnico, 73).

CERQUEIRA, L. S. (2008). Variabilidade genética e teor de óleo em mamoneira visando ao melhoramento para região de baixa altitude. 2008. Dissertação

(Mestrado em Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior. Orientador: Simone Alves Silva.

CHAN, A. P.; CRABTREE, J.; ZHAO, Q.; LORENZI, H.; ORVIS, J.; PUIU, D.; MELAKE-BERHAN, A.; JONES, K. M.; REDMAN, J.; CHEN, G. (2010). Draft genome sequence of the oilseed species *Ricinus communis*. *Nature biotechnology* 28, 951-959.

CONAB - ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA. (2019). **SAFRA 2017/18** - V. 5. N. 7 - Sétimo levantamento / abril 2018. Disponível em: file:///D:/Gean/Arquivos/Downloads/BoletimZGraosZabrilZ2018.pdf. Acessado em 18/05/2019.

CONCEIÇÃO, M. M.; CANDEIA, R. A.; SILVA, F. C., BEZERRA, A. F. FERNANDES, J. V. J. & SOUZA, A. G. Thermoanalytical Characterization of Castor Oil Biodiesel. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, 11: 964-975. (2007).

CRISÓSTOMO, J. R. & SILVA, J. M. da. (1975). Comportamento das Variedades SIPEAL de Mamoneira nos Municípios de Iraquara e Itaeté, Bahia. Salvador, EMBRAPA, 8p. 1975. **Comunicado Técnico, 14**.

CRISÓSTOMO, J. R.; SAMPAIO, H. S. V. & RODRIGUES, E. M. (1975). Produtividade das principais variedades de mamoneira (*Ricinus communis* L.) de porte alto cultivadas na Bahia. Salvador, EMBRAPA, 17p. **Com. Técnico, 11**.

CRISÓSTOMO, J. R.; SILVA, J. M. da. (1975). Comportamento das Variedades SIPEAL de Mamoneira nos Municípios de Iraquare e Itaeté, Bahia. Salvador, EMBRAPA, 8p. 1975. **Comunicado Técnico, 14**.

CROUCH J.H. e ORTIZ, R. (2004) Applied genomics in the improvement of crops grown in Africa. **African journal of Biotechnology** 3 (10): PP 489-496.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. S. C. (2006). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV. v.2. 586p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CUNHA, G. H. de M.; ROCHA, U. R. & OLIVEIRA, A. B. de. (2017): "Economia da mamona: uma visão do mercado brasileiro no início do século XXI", **Revista Contribuciones a las Ciencias Sociales**, (enero-marzo). En línea: <http://www.eumed.net/rev/cccss/2017/01/mamona.html>

CUNHA, G. H. M.; ROCHA U. R. & OLIVEIRA A. B. (2017). Economia da mamona: uma visão do mercado brasileiro no início do século XXI. **Revista Contribuições a las Ciencias Sociales**, (enero-marzo). En línea: <http://www.eumed.net/rev/cccss/2017/01/mamona.html>.

CUNHA, T. J. F.; PETRERE, V. G.; SILVA, D. J.; MENDES, A. M. S.; MELO, R. F. de.; OLIVEIRA NETO, M. B. de.; SILVA, M. S. L. da; & ALVAREZ, I. A. (2010). Principais solos do semiárido tropical brasileiro: caracterização, potencialidades, limitações, fertilidade e manejo. **Anais**. In: SA, I. B.; SILVA, P. C. G. da. (Ed.). *Semiárido brasileiro: pesquisa, desenvolvimento e inovação*. Petrolina: Embrapa Semiárido. cap. 2, p. 50-87. il.

DANTAS, A. A.; MENDES, R. G.; ARAÚJO, P. B. F.; VITOR, A. M. M.; MENEZES, D. P.; FERREIRA, P. H. F. D. & BONETTI, L. L. S. (2017). Efeito do ácido giberélico na germinação de sementes de *Ricinus communis* L. em diferentes substratos. In: **Anais...** Simpósio de Ciências Agrárias e Ambientais, I, Monte Carmelo. *Anais...* Monte Carmelo: UFU. p. 192-199.

DIAMANTINO, M. S. A. S.; SILVA, S. A.; COSTA, M. A. P. de C.; SOUZA, D. R. ; MORAES, V. M. ; DIAMANTINO, E. P. . Variabilidade genética em genótipos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) em dois anos de cultivo no Recôncavo Baiano. **Anais...** In: II Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2012, Belém-PA. *Amazônia: Recursos genéticos e sustentabilidade*, 2012.

EMBRAPA 2005 – Clima Temperado. **A cultura da mamona na região de clima temperado: informações preliminares.** Disponível em: < <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/745129/1/documento149.pdf> >. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

EMBRAPA 2018 - Agência Embrapa de Informação Tecnológica. **ÁRVORE DO CONHECIMENTO MAMONA.** Disponível em: <<https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/mamona/arvore/CONT000h4rb0y9002wx7ha0awymtywrddx3n.html> >. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

EMBRAPA ALGODÃO. **Cadeia Produtiva - Óleo de Mamona e Biodiesel.** Disponível em: <https://www.cnpa.embrapa.br/produtos/mamona/cadeia_produtiva_biodiesel.html>. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

EMBRAPA. 2002. **Cultivo da mamona (*Ricinus communis* L.) conseorciada com feijão caupi [*Vigna unguiculata* (L) Walpi] para o semiárido nordestino em especial do Piauí.** Disponível<https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Repositorio/mamona+e+feijao_000fhqpqr702wyiv80efhb2ab5otare.pdf. >. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

FALCONER, D. S. & MACKAY, T. F. C. (1996). Introduction to quantitative genetics. 4 a ed. New York: **Longman Scientific & Technical**. 464p. Disponível em:< <https://archive.org/details/introductiontoq00falc/page/n9>. >Acessado em: 20 de agosto de 2019.

FALEIRO, F. G.; FAVERO, A. P.; FERREIRA, M. E. & JUNQUEIRA, N. T. V. (2015). Potencial de uso das plantas agrícolas nativas e de seus parentes silvestres. In: VEIGA, R. F. A.; QUEIRÓZ, M. A.. (Org.). **Recursos fitogenéticos:**

a base da agricultura sustentável no Brasil. 1ed.Viçosa: Ed. UFV, v. 1, p. 291-298.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, & BRAGA, M. F. Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro - desafios da pesquisa. In: Fábio Gelape Faleiro; Nilton Tadeu Vilela Junqueira; Marcelo Fideles Braga. (Org.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético.** Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005, v., p. 187-210.

SOUZA, F. Q. de. (2013). Prospecção fenotípica de linhagens elites de mamoneira resistentes ao mofo cinzento (*Amphobotrys ricini* (N.F. Buchw.) Hennebert). 2013. **Dissertação** (Mestrado em Mestrado em Ciências Agrária: Fitotecnia) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior. Orientador: Simone Alves Silva.

FAO - **Food and Agriculture Organization of the United Nations.** (2014) <<http://faostat3.fao.org/faostat-gateway/go/to/download/Q/QC/E>> Acesso em 20 abril. 2019.

FIOREZE, S. L.; LARA-FIOREZE, A. C. C.; PIVETTA, L. G.; RODRIGUES, J. D. & ZANOTTO, M. D. (2016). Características agrônômicas da mamoneira afetadas pelo método de condução de plantas e densidade de semeadura. **Revista Ciência Agrônômica**, v.47, n.1, p.86-92, 2016.

FIOREZE, S. L.; LARA-FIOREZE, A. C. C.; PIVETTA, L. G.; RODRIGUES, J. D. & ZANOTTO, M. D. Características agrônômicas da mamoneira afetadas pelo método de condução de plantas e densidade de semeadura. **Revista Ciência Agrônômica**, v.47, n.1, p.86-92, 2016.

FONSECA, N. B. & BLANCO, B. S. (2014). Toxicity of ricin present in castor bean seeds. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 35, n. 3, p. 1415-1424.

FRANKEL, O. H. (1984). Genetic perspectives of germoplasm conservation. In: ARBER, W. K.; LIMENSEE, K.; PEACOCK, W. J.; STARLINGER, P. (Ed.). **Genetic manipulation: impact on man and society.** Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 1161- 1170.

FREIRE, E. C.; ANDRADE, F. P. e MEDEIROS, L. C. (1991). Melhoramento da mamoneira no CNPA – período 1987/88. In: EMBRAPA/CNPA. **Rel. Técnico Anual do CNPA 1987/89.** Campina Grande, EMBRAPA/CNPA. p. 571-573.

FREIRE, E. C.; ANDRADE, F. P.; MEDEIROS, L. C.; LIMA, E. F. & SOARES, J. J. (1990). Competição de cultivares e híbridos de mamona no Nordeste do Brasil. Campina Grande, EMBRAPA/CNPA. **Pesquisa em Andamento**, 11.

FRIEDMAN, M. H.; ANDREU, M. G.; QUINTANA, H. V. & MCKENZIE, M. (2010). *Ricinus communis*, castor bean. **Institute of Food and Agricultural Sciences**, Gainesville, n. 244, p. 1-3.

GODOY, I. J. de; SAVY FILHO, A. TANGO, J. S.; UNGARO, M. R. G. & MARIOTTO, P. L. (1985). **Programa Int. de Pesquisa. Oleaginosas**. São Paulo. Coordenadoria de Pesquisa Agropecuária da Secretaria de Agricultura. 33p.

GONÇALVES, N. P.; KAKIDA, J.; MARCIANI-BENDEZÚ, J. & LELES, W. D. (1981). Cultivares de mamona. **Inf. Agro**. Belo Horizonte, v.7, n.82, p.31-33.

GURGEL, J. T. do A. (1945). Estudos sobre a mamoneira (*Ricinus communis* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 70p. (**Tese Livre Docência**).

HEMMERLY, F. X. (1981). **Mamona: Comportamento e Tendências no Brasil**. Brasília, EMBRAPA, 69p. (EMBRAPA-DTC, Documento, 2).

IBGE, (2018). **Levantamento sistemático da produção agrícola pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil**. Disponível em: file:///D:/Gean/Arquivos/Downloads/lspa_201701.pdf. Acesso em 20 abril. 2019.

ITURRA, A. (2003). Perspectivas da agricultura familiar na agroindústria do biodiesel: uma proposta de inclusão social. In: SEMINÁRIO DE POLÍTICAS PARA O BIODIESEL, Salvador, 2003. **Anais...** Salvador: SECTI.

JAMES, S. (2016). **Tendência, crescimento, pesquisa e análise do mercado de óleo de mamona e derivados até 2020**. <https://www.linkedin.com/pulse/castor-oil-derivatives-market-trend-growth-research-analysis-james> . Acessado 12 de agosto de 2019

KRUG, C. A.; MENDES, P. T. & SOUZA, G. F. de. (1943). Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.) III. Primeira série de ensaios de variedades (1937/38 – 1938/39). **Bragantia**, v.3, n.5, p.85-122.

KUMARI, U. M.; AZMA, S.; SWATI, K.; INDU, S. S. & NITISH, K. (2018). DNA polymorphism analysis of Indian germplasms of *Trapa natans* using RAPD molecular Marker. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**. Volume 15, July 2018, Pages 146-149.

LIMA, E. F. e SOARES, J. J. (1990). Resistência de cultivares de mamoneira ao mofo cinzento causado por *Botrytis ricini*. **Fitopatologia Brasileira**, n.15, p.96-97.

LIMA, E. F.; ARAÚJO, A. E. e BATISTA, F. A. S. (2001). Doenças e seu controle. In: AZEVEDO, D. M. P. de; LIMA, E. F. (Eds) **O agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. p. 191-212.

LIMA, L. P. de A.; ROSA, L. L. da; GARCIA, S. M.; MUSIS, C. R. de; & GAIO, D. C. (2017). Análise descritiva e comparação de curvas de precipitação em Diamantino, Mato Grosso, **Rev. Ibero-Americana de C. Ambientais: v. 8 n. 3 (2017): Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais** - Fev, Mar, Abr, Mai.

LING, D.; ZHAO, Y.; WANG, Y. & HUANG, B. (2016). Study on relationship between dielectric constant and water content of rock soil mixture by Time Domain Reflectometry. **Journal of Sensors**, v.2016, p.1-10, 2016.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VALÉRIO, I. P.; HARTWIG, I.; MARCHIORO, V. S. & VIEIRA, E. A. (2006). Retrocruzamento como uma estratégia de identificar genótipos e desenvolver populações segregantes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, n.4, p.1118-1125.

MACHADO, E. L.; SANTOS, A. de S.; SILVA, S. A.; AZEVEDO, A. D. Otimização e validação do método analítico gravimétrico e teor de óleo em uma população F3 de mamoneira da UFRB. **Magistra**, v. 26, p. 198-205, 2014.

MARTIN J. K. & LEONARD W. H. **Princípios da produção de culturas de campo**. Macmillan, Nova Iorque. 1967.

MOREIRA, J. A. N.; LIMA, E. F.; FARIAS, F. J. C. & AZEVEDO, D. M. P. de. (1996). Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.). Campina Grande; EMBRAPA-CNPA. 29p. (EMBRAPA-CNPA. **Documentos**, 44).

MOSHKIN, V. A. Castor. A. A. BALKENMA. ROTTERDAM. 1986, 315p.

MOURA NETO, F. N. de; FIALHO, A. C. V.; MOURA, W. L. de; ROSA, A. G. F.; MATOS, J. M. E. de; REIS, F. da S.; MENDES, M. T. de A. & SALES, E. S. D. (2019). Castor polyurethane used as osteosynthesis plates: microstructural and thermal analysis. *Polímeros*, 29(2), e 2019029. **Epub** July 04, 2019. <https://dx.doi.org/10.1590/0104-1428.02418>.

MUCARI, T. B. & OLIVEIRA, J. A. (2003). Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. **R. Bras. Zoot.** 2003; 32 (6): 1604– 1613.

MUKHERJEE, A. K.; RATHA, S.; DHAR, S.; DEBATA, A. K. & ACHARYA, P. K. Genetic relationships among 22 taxa of bamboo revealed by ISSR and EST-based random primers. **Biochemical Genetics**, v. 48, n. 11-12, p. 1015-1025, 2010.

NASS, L. L.; NISHIKAWA, M. A. N.; FÁVERO, A. P. & LOPES, M. A. (2007). Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 683-716.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de. & VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). (2001). **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT. p. 29-55.

OGUNNIYI, D. S. (2006). Castor oil: A vital industrial raw material. **Bioresource Technology**, 97:1086-1091.

OLIVEIRA, R. B.; GIMMENEZ, V. M. M. & GODOY, S. A. P. (2007). Intoxicações com espécies da família Euphorbiaceae. **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 5, p. 69-71. Suplemento I.

PAULA NETO, F. L. de; & CARVALHO, J. M. M. de; (2006) Perspectivas para a cultura da mamona no Nordeste em 2006. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, 44. 2006, Fortaleza. **Anais...**Fortaleza: BNB-Etene, 2006. 17 p.

PERRY B. A. Chromosome number and phylogenetic relationships in the Euphorbiaceae. **J. Bot.** 1943; 30: 527–543.

PINOTTI, R. N. & AMARAL, J. G. C. do; (2013). Informações Econômicas da Mamona como Biocombustível. **Pesquisa & Tecnologia**, vol. 10, n. 1, Jan-Jun.

PURSEGLOVE J. W. **Tropical crops, dicotyledons**. Longman, Essex, U.K. 1981; 1–719.

PUTTINI, F. A. (2014). Caracterização química e agro-morfológica de genótipos de mamona (*Ricinus communis* L.). 92f. **Dissertação** (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas-SP.

QUEIROGA, V. P.; SANTOS, R. F. & QUEIROGA, D. A. N. Levantamento da produção de mamona (*Ricinus communis* L.) em uma amostra de produtores em cinco municípios da Bahia. **Agro@mbiente** On-line, v. 5, p. 148-157, 2011.

QUEIROZ, G. A.; ZAIDAN, L. E. M. C.; SILVA, A. M. B. & Silva, V. L. (2019). Biodiesel produced from seed oils treated with sanitary effluent. **Revista eletrônica em gestão, educação e tecnologia ambiental**, v. 23, p. 01-08, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.B. & ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RÊGO, E. R.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D. & RÊGO, M. M. (2006). Caracterização, diversidade e estimação de parâmetros genéticos em pimenteiros (*Capsicum* spp.). **Anais...** In: Encontro Nacional do Agronegócio Pimentas (*Capsicum* spp.), 2.

REGO, F. L. H.; COSTA, R. B. C.; CONTINI, A. Z.; MORENO, R. G. S.; RONDELLI, K. G. S. & KUMIMOTO, H. H. (2005). Variabilidade genética e estimativas de herdabilidade para o caráter germinação em matrizes de *Albizia lebbek*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 5, p.1209-1212, set-out.

RIBEIRO FILHO, J. (1996). **Cultura da Mamoneira**. Viçosa, U.F.V. 75p.

RURAL CENTRO 2011. NOVOS CULTIVARES DE MAMONA INCREMENTAM PRODUÇÃO EM IRAQUARA. Disponível em: < <http://www.ruralcentro.com.br/noticias/novos-cultivares-de-mamona-incrementam-producao-em-iraquara-384561> >. Acessado em: 05 de agosto de 2019.

SALES, D. C.; COSTA, A. A.; SILVA, E. M.; VASCONCELOS JÚNIOR, F. C.; CAVALCANTE, A. M. B.; MEDEIROS, S. S.; MARIN, A. M. P.; GUIMARÃES, S. O.; ARAUJO JUNIOR, L. M. & PEREIRA, J. M. R. (2015). Projeções de mudanças na precipitação e temperatura no Nordeste Brasileiro utilizando a técnica de downscaling dinâmico. **Ver. Bra. de Meteorologia**, v. 30, n. 4, p. 435-456, 2015.

SANTOS, L. A. dos; SILVA, S. A., S.; DEOCLIDES, R.; ARAUJO, G. DE M.; ALMEIDA, V. DE O. & NEVES, C. G. (2019). Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, 49(1), e20180547. Epub February 11, 2019. <https://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20180547>

SAVY FILHO, A. (2005). Mamona tecnologia agrícola. Campinas: EMOPI. 105p.
SCHOLZ, V. & da SILVA, J. N. Prospects and Risks of the Use of Castor Oil as a Fuel. **Biomass and Bioenergy**, 32: 95-100. (2008).

SENA, J. S. S. (2011). Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. [Dissertação]. Belém- PA. Universidade Federal do Pará. 2011. 57.

SEVERINO, L. S.; MILANI, M.; MORAES, C. R. de A.; GONDIM, T. M. de S. e CARDOSO, G. D. (2006). Avaliação da produtividade e teor de óleo de dez genótipos de mamoneira cultivados em altitude inferior a 300 metros. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.37, n.2, p.188-194.

SILVA, A. R. D.; SILVA, S. A.; SANTOS L. A. dos.; SOUZA, D.R de.; ARAUJO, G. D. M. & DANTAS, J. L. L. (2019) Characterization and performance of castor bean lineages and parents at the UFRB germplasm bank. **PLoS ONE** 14(1): e0209335. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0209335>

SOUZA, F. E. de. (1972). Cultura da mamona. In: Contribuição ao desen. das espécies oleaginosas no Nordeste. Recife, SUDENE. p. 4-13.

TÁVORA, F. J. A. (1982). **A cultura da mamona**. Fortaleza: EPACE. 111p.

TÁVORA, F. J. A. F.; ALVES, J. F.; QUEIROZ, G. M. de; & PINHO, J. L. N. de. (1974). Comportamento de Cultivares de Mamona, *Ricinus communis* L. em cinco municípios do Estado do Ceará, Brasil. **Ci. Agron.** v.4, n.1-2, p.73-78. 1974.

TÁVORA, F. J. A. F.; ALVES, J. F.; QUEIROZ, G. M. de; & PINHO, J. L. N. de. Comportamento de Cultivares de Mamona, *Ricinus communis* L. em cinco municípios do Estado do Ceará, Brasil. **Ci. Agron.** v.4, n.1-2, p.73-78. 1974.

TROVO, J. B. & RAZOOK, A. G. (1995). Fundamentos da Avaliação Genética. In: I CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA EM BOVINOS DE CORTE, Ribeirão Preto. p.1-19. 55.

USCÁTEGUI, Y. L.; DÍAZ, L. E.; GÓMEZ-TEJEDOR, J. A.; VALLÉS-LLUCH, A. & VILARIÑO-FELTRER, G.; SERRANO, M. A.; VALERO, M. F. (2019). Candidate

Polyurethanes Based on Castor Oil (*Ricinus communis*), with Polycaprolactone Diol and Chitosan Additions, for Use in Biomedical Applications. **Molecules**. 2019, 24, 237.

VIVODÍK, M.; SAADAQUI, E.; GÁLOVÁ, Z. & PETROVIČOVÁ, L. (2019). Genetic diversity in Tunisian castor genotypes (*Ricinus communis* L.) detected using RAPD markers. **Potravinarstvo Slovak Journal of Food Sciences**, 13(1), 294-300. <https://doi.org/10.5219/1116>

YOKOO, M. J. I.; ALBUQUERQUE, L. G.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R. D.; CARNEIRO, JÚNIOR, J. M.; BEZERRA, L. A. F. & ARAUJO, F. R. C. (2007). Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **R. Bras. Zoot.** 36 (6): 1761-1768.

ARTIGO 1

**VARIABILIDADE DE PROGÊNIES F₂ DE MAMONEIRA POR MEIO
DE DESCRITORES MORFOAGONÔMICOS ¹**

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial de periódico científico adequado ao tema.

VARIABILIDADE DE PROGÊNIES F₂ DE MAMONEIRA POR MEIO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS

Autor: MSc.Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

RESUMO: A caracterização morfoagronômica é requisito básico para identificar um perfil fenotípico de uma população. A utilização de técnicas apropriadas para quantificar a variabilidade genética da espécie possibilitará uma seleção eficiente de constituições genéticas superiores e daqueles que apresentam divergência genética para os caracteres em estudo. Deste modo, esse trabalho teve por objetivo, estimar a variabilidade genética entre 490 genótipos e sete linhagens, oriundos de população F₂ de *Ricinus communis* L., em 35 caracteres morfoagronômicos. Para os descritores qualitativos utilizou-se a técnica de entropia nas frequências percentuais de cada categoria computando seu nível por meio do coeficiente de Renyi (1961) e sua estimativa pelo programa Multiv v.2.3. Para os descritores quantitativos os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) pelo teste F, sendo realizado o teste de Tukey a 1% de probabilidade. Dos caracteres morfoagronômicos utilizados, 13 foram referentes às plantas (PAH, IRP, DC, CMIC, NIC, CEC, CC, FSL, PNP, CEFSL, CFSL, EP e AQP), nove relacionados à inflorescência (FLO, FMR, LFMR, CE, DR, NRC, CRP, DR e FR), seis direcionados aos frutos (CEF, CF, PAF, DACF, CAF, DEF), sete ligados às sementes (CPS, CSS, TCS, FS, PDC, P100 e RSF) e 12 agrônômicos (CR, CER, NSP, PFR, NFR, PRP, PSR, NSRP, PSP, NFP e PROD). O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) em 2018, sendo o material disposto em famílias (linhagens de cinco famílias) intercaladas com seus respectivos parentais (testemunhas), sendo uma derivação do delineamento de blocos aumentados. Os descritores coloração do caule, forma do racemo, número de racemos colhidos, coloração principal das sementes, tipo de coloração secundária das sementes e peso de cem sementes possuem elevada variabilidade na população com formação de 68 grupos distintos em função da similaridade genética intragrupo. Assim, fica evidenciada a possibilidade de seleção principalmente quanto ao número de racemos colhidos, sendo um dos componentes de rendimento,

podendo identificar os genótipos com maior número, visando potencializar o rendimento da cultura.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L., melhoramento genético, entropia

VARIABILITY OF PROGENIES F₂ OF CASTOR BEAN BY MORPHOAGRONOMIC DESCRIPTORS

Autor: MSc. Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

ABSTRACT: A morphoagronomic characterization is a basic requirement to identify a phenotypic profile of a population. The use of appropriate techniques to quantify the genetic variability of the species will allow an efficient selection of superior genetic constitutions and those with genetic divergence for the characters under study. In this way, this study aimed to estimate the genetic variability between 490 genotypes and seven strains, from population F₂ of *Ricinus communis* L., in 35 morphoagronomic characters. For the qualitative descriptors, the entropy technique was used in the percentage frequencies of each category, computing its level using Renyi coefficient (1961) and its estimation by the Multiv v.2.3 program. For the quantitative descriptors, the data were submitted to the analysis of variance (ANOVA) by the F test, and the Tukey's test was performed at 1% probability. Of the morphoagronomic characters used, 13 were related to plants (PAH, IRP, DC, CMIC, NIC, CEC, CC, FSL, PNP, CEFSL, CFSL, EP and AQP), nine related to inflorescence (FLO, FMR, LFMR, CE, DR, NRC, CRP, DR and FR), six addressed to the fruits (CEF, CF, PAF, DACF, CAF, DEF), seven linked to seeds (CPS, CSS, TCS, FS, PDC, P100 and RSF) and 12 agronomic (CRS, CER, NSP, PFR, NFR, PRP, PSR, NSRP, PSP, NFP and PROD). The experiment was conducted in the Experimental Field of the Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) in 2018, the material was arranged in families (strains of five families) interspersed with their respective parents (witnesses), being a derivation of the design of increased blocks. The descriptors stem color, raceme shape, number of racemes harvested, main seed color, type of secondary color of the seeds and weight of one hundred seeds have high variability in the population with formation of 68 distinct groups due to intragroup genetic similarity.

Thus, the possibility of selection is evidenced mainly regarding the number of racemes harvested, as one of the yield components, being able to identify the genotypes with highest number, aiming to potentiate the yield of the crop.

Key words: *Ricinus communis* L., genetic improvement, entropy

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma planta pertencente à família das Euforbiáceas, originária de região tropical, vegetando bem em temperaturas de 20 a 30 °C, exigente em luminosidade e calor, resistente à seca. Para o desenvolvimento e produção requer o mínimo de 500 mm de precipitação pluvial, podendo ser produzida em altitudes de 300 a 1.500 m, adaptando-se a vários tipos de solo (COSTA et al., 2014).

A espécie apresenta uma grande variação dentre os caracteres fenotípicos, possibilitando a seleção de constituições de interesse, sendo os caracteres, hábito de crescimento, cor das folhas, caules, ramos, frutos, sementes, tamanho das sementes, teor de óleo, altura de plantas, os de fácil mensuração para o estudo da diversidade.

Alguns caracteres apresentam um certo grau de importância por estarem diretamente ligado a fatores de produção, o porte reduzido imprime melhor rendimento da cultura, por apresentar menor índice de acamamento proporcionando colheitas mais uniforme (UDOH et al., 2016; PIVETTA et al., 2019). Da mesma forma, genótipos precoces apresentam maior uniformidade de maturação possibilitando colheita uniforme, propiciando, maiores retornos econômicos por promove colheitas em menor tempo possível, favorecendo principalmente espécies anuais como a mamoneira (CRESTANI et al., 2015; ANDREAZI et al., 2017).

A escolha de genitores adequados é a base para garantir o máximo benefício pelo emprego dos demais fatores de produção e, conseqüentemente, para aumentar as chances de sucesso na rentabilidade da cultura (MORELLO et al., 2014) uma vez que, com o potencial apresentado pela cultura, devido aos mais variados usos industriais, tem-se elevado a sua demanda, ocasionando a busca por plantas mais produtivas (VATSA, 2019).

O conhecimento da diversidade genética, explorada das coleções de germoplasma nativo ou espontâneo são a fonte primária da variabilidade (ELLEGREN e GALTIER, 2016), sendo portanto, fundamental para avaliar e selecionar genitores para a serem usados nos programa de melhoramento genético da espécie, para exploração da heterose e incorporação das características comercialmente significativas em novas plantas (SILVA et al., 2019; GEETHA, et al., 2019; SALIHU et al., 2019).

Os programas de melhoramento genético utilizam metodologias adequadas que possibilitam a escolha dos melhores genótipos, a serem utilizados nas etapas do melhoramento. Trabalhos com o melhoramento genético da pimenteira ornamental, aponta que a caracterização morfoagronômica é a forma mais acessível de avaliar a diversidade genética existente na cultura, possibilitando acessar aquelas constituições superiores, munidas dos caracteres de maior contribuição para a sua finalidade, além de possibilitar o uso daqueles com alta herdabilidade e com baixa influência ambiental (NEITZKE et al., 2014). Ulhoa et al. (2017) utilizando descritores morfoagronômicos na cultura da pimenta, constatou a contribuição do estudo na seleção de promissoras linhagens.

A análise da divergência genética, vem sendo empregado por diversos autores (ABHILASHA et al., 2018; ICHIRO et al., 2018; STRIOTO et al., 2019;), como critério na escolha de genitores utilizados em programas de melhoramento genético. Estudos sobre divergência genética têm sido utilizados, com o objetivo de obter os melhores genótipos a serem explorados em posteriores combinações prevendo expressivos resultados para os caracteres de interesse.

A avaliação da diversidade genética, pode ser realizada observando o nível de entropia com o uso do coeficiente de Rényi, permitindo indicar classes fenotípicas para as características qualitativas observadas, apontado o equilíbrio existente na proporção entre a frequência dos genótipos nas diversas classes fenotípicas. O reconhecimento daqueles genótipos mais aparentados, tem por finalidade reunir genitores em grupos, utilizando uma medida de dissimilaridade ou similaridade, explicando a homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Para os descritores quantitativos os dados coletados podem indicar aqueles que apresentam uma maior variância, possibilitando apontar os de maior interesse para o programa de melhoramento da espécie, possibilitando avaliação comparativa entre as médias e estipular aquelas que contribuem com

maior significância para diferenciação entre as famílias avaliados. Dessa forma, este trabalho possibilita avaliar a divergência genética em famílias segregantes (F_2), a fim de identificar o comportamento da população quanto aos caracteres avaliados.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido entre os meses de maio a dezembro de 2018, com regularidade de chuva, temperatura e umidade (Figuras 1 e 2), na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBio) do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas – Bahia, situado no Recôncavo Baiano, e estabelecido entre as coordenadas geográficas de 12° 40' 19" latitude sul, 39° 06' 23" de longitude oeste de Greenwich e altitude média de 220m. O clima da região é classificado com subúmido, apresentando para o ano de estabelecimento do experimento, conforme CLIMATEMPO (2019), umidade relativa do ar oscilando entre 70 a 88 com média de 81%, pluviosidade média anual de 996 mm, observando-se variações da ordem de 900 a 1.300 mm, sendo os meses de março a agosto os mais chuvosos e de setembro a fevereiro os de menor intensidade (Figura 1).

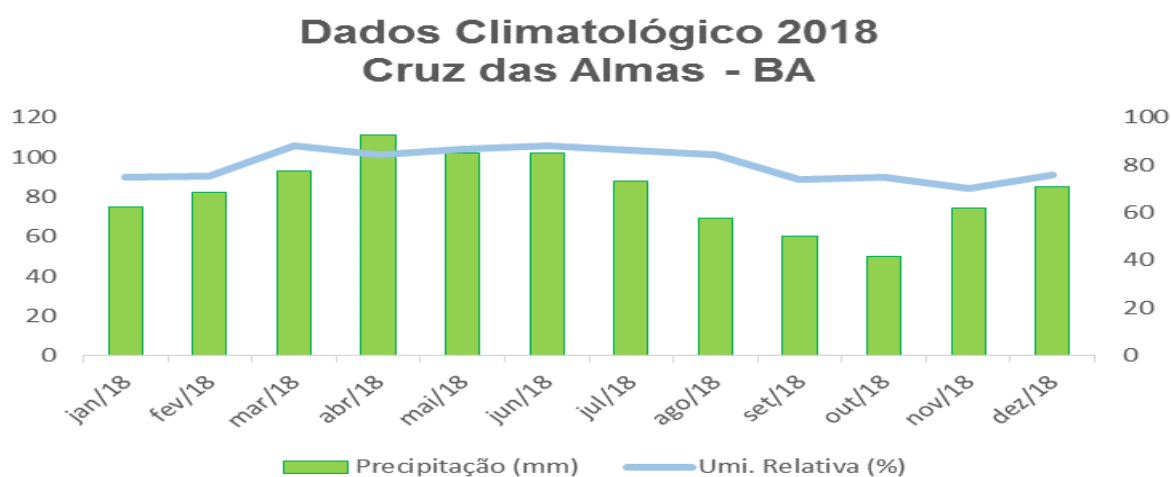


Figura 1- Dados Pluviométricos referentes ao ano de condução do experimento com mamona em 2018, de acordo com Climatempo 2019.

A temperatura média anual ficou estabelecida em 24,1°C (Figura 2), sendo a região caracterizada por apresentar solo classificado como Latossolo Amarelo álico coeso, de textura argilosa e relevo plano (RIBEIRO et al., 1995).

Para realização do experimento, foram executadas hibridações genéticas em campo no ano de 2016 com os parentais contrastantes e de destaque para caracteres de interesse do programa de melhoramento.

Dados climatológico 2018 Cruz das Almas - BA



Figura 2 - Dados Pluviométricos referentes ao ano de condução do experimento com mamona em 2018, de acordo com Climatempo 2019.

Os híbridos (F_1) resultantes passaram a compor um novo experimento em 2017 para avaliação de desempenho, concomitantemente às avaliações, cada planta foi autofecundada, utilizando para isto apenas o segundo racemo, revestidos com sacos de TNT, impedindo cruzamentos com outras plantas. De posse dos resultados e seleção, os parentais UFRB₃₁₈, UFRB₃₁₇, UFRB₃₂₁, UFRB₃₂₂, UFRB₃₂₃, UFRB₃₁₉ e UFRB₃₂₀, e as sementes das famílias híbridas F01, F02, F03, F04 e F05, resultantes das hibridações direcionadas na população F_1 , sendo: H1: (UFRB₃₂₂ / UFRB₃₁₉), H6: (UFRB₃₂₀ / UFRB₃₁₇), H12: (UFRB₃₂₂ / UFRB₃₂₃), H16: (UFRB₃₁₈ X UFRB₃₂₂) e H17: (UFRB₃₂₁ X UFRB₃₂₂), passaram a compor a população de estudo F_2 , conforme demonstrado no Quadro 1.

A disposição do material experimental no campo foi de famílias intercaladas com testemunhas, sendo uma derivação do delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956), no qual as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns (P_1 e P_2), e as famílias, aos tratamentos regulares (F_2). O esquema experimental pode ser descrito: A 1ª linha, composta por 10 plantas,

cada uma sendo considerada uma parcela, representando a testemunha (1ª repetição do P1); nas próximas 3 linhas (2ª a 4ª), foram semeadas as progênies (F2) e a parcela seguinte (5ª) foi ocupada pela testemunha (1ª repetição do P2), e assim sucessivamente, até terminar todas as 5 famílias. A parcela foi constituída de uma fileira de 8,8 m, com 12 plantas espaçadas em 0,80 cm, sendo as extremidades consideradas bordaduras. O espaçamento utilizado foi de 2,0 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas, perfazendo uma densidade populacional de 6.250 plantas/ha⁻¹

A área foi preparada de forma convencional, 60 dias antes do plantio passou pelo processo de aração e gradagem, conforme Beltrão et. al., (2006), em seguida atendendo ao diagnóstico da análise de solo, com auxílio do distribuidor de calcário e fertilizantes foi aplicado 1200 kg de calcário.ha⁻¹ e incorporado ao solo.

No plantio, as covas foram abertas com o auxílio de enxada, com profundidade três vezes superior ao tamanho da semente, em seguida procedeu-se a adubação de fundação na dosagem de 20 kg.ha⁻¹ de N, 80 kg.ha⁻¹ de P e 40 kg.ha⁻¹ de K. O plantio foi feito por meio de semeadura direta no campo, utilizando três sementes por genótipo.

Após o surgimento da primeira folha definitiva foi feito o desbaste, deixando-se apenas uma planta por cova, e 40 dias após o plantio foi aplicado 40 kg.ha⁻¹ de N por cobertura. Para o controle das plantas invasoras efetuou-se capinas braçal e roçagem mecanizada a cada 30 dias, sendo que os tratos fitossanitários foram feitos de acordo com a necessidade da cultura, e para evitar o ataque do mofo cinzento (*Amphobotrys ricini*) foram realizadas três pulverizações com intervalo de 15 dias, após as plantas apresentarem mais de 90 dias da germinação.

Os caracteres de interesse mensurados, foram treze relacionados às plantas: presença de pigmentação antocianínica (PA), inserção do racemo primário (IRP), diâmetro do caule (DC), comprimento médio de internódios do caule (CMIC), número de internódios do caule (NIC), cerosidade do caule (CC), face superior do limbo (FSL), pigmentação da nervura principal (PNP), cerosidade da face superior do limbo (CEFSL), coloração da face superior do limbo (CFSL), estatura de planta (EP) e arquitetura de planta (AQP); nove relacionados à inflorescência: florescimento (FLO), flores masculinas nos racemos (FMR),

localização das flores masculinas no racemo (LFMR), coloração do estigma (CE), densidade do racemo (DR), número de racemos colhidos (NRC), comprimento do racemo primário (CRP), comprimento efetivo do racemo primário (CERP), forma do racemo (FR); seis direcionados aos frutos: cerosidade do fruto (CEF), cor do fruto (CF), presença de acúleos nos frutos (PAF), densidade dos acúleos dos

Quadro 1 - Genealogia de Parentais e desenvolvimento das linhagens em estudo com as características de maior importância utilizadas na seleção de Linhagens superiores de mamoneira do NBIO/UFRB. Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

PARENTAIS I	CARACTERÍSTICAS					
	FLO (dias)	EP (cm)	NSP (unid.)	PSP (g)	P100 (g)	
MIRANTE 10	75	148.3	324.00	108.22	33.22	
EBDA_MPA 17	78	89.75	303.00	162.87	30.12	
BRS 149	81	118.6	221.00	123.01	39.7	
BRS 188	98	118.7	236.00	138.56	37.04	
SIPEAL 28	60	118.2	244.00	177.95	58.23	
CRUZAMENTOS DIRECIONADOS			RESULTANTE (PARENTAIS II)			
PARAGUAÇU BRS188 / EBDA_MPA17			UFRB ₃₁₇			
NORDESTINA BRS 149 / EBDA_MPA 17			UFRB ₃₁₈			
MIRANTE 10 / SIPEAL 28			UFRB ₃₁₉			
PARAGUAÇU BRS188 / EBDA_MPA17			UFRB ₃₂₀			
MIRANTE 10 / SIPEAL 28			UFRB ₃₂₁			
EBDA_MPA17 / SIPEAL			UFRB ₃₂₂			
EBDA_MPA17 / SIPEAL			UFRB ₃₂₃			
PARENTAIS II	CARACTERÍSTICAS					
	FLORESCIMNTO (dias)	ESTATURA DE PLANTAS (cm)	NÚMERO DE SEMENTES POR PLANTA (unid.)	PESO DE SEMENES POR PLANTA (g)	PESO DE 100 SEMENTES (g)	TEOR DE ÓLEO (%)
UFRB ₃₁₇	81.87	89.87	169.00	74.89	38.98	48.65
UFRB ₃₁₈	80.04	110.67	174.88	113.76	57.22	49.29
UFRB ₃₁₉	69.63	120.51	202.11	116.40	59.46	48.28
UFRB ₃₂₀	76.75	92.20	133.36	75.20	51.35	50.11
UFRB ₃₂₁	75.95	103.84	207.46	83.07	34.10	51.83
UFRB ₃₂₂	82.05	124.54	137.16	108.98	60.78	45.45
UFRB ₃₂₃	82.35	140.88	108.98	84.09	52.93	50.52
CRUZAMENTO II		POPULAÇÃO F1		RESULTANTE POPULAÇÃO F2		
FORMAÇÃO	UFRB ₃₁₉ / UFRB ₃₂₂	AUTOFECUNDADA		F01		
	UFRB ₃₁₇ / UFRB ₃₂₀	AUTOFECUNDADA		F02		
	UFRB ₃₂₂ / UFRB ₃₂₂	AUTOFECUNDADA		F03		
	UFRB ₃₁₈ / UFRB ₃₂₂	AUTOFECUNDADA		F04		
	UFRB ₃₁₈ / UFRB ₃₂₁	AUTOFECUNDADA		F05		

frutos (DACF), coloração dos acúleos dos frutos (CAF), deiscência (DEF); oito referentes às sementes: coloração principal da semente (CPS), presença de coloração secundária (PCS), coloração secundária da semente (CSS), tipo de coloração secundária (TCS), forma da semente (FS), protuberância da carúncula (PDC), peso de 100 sementes (P100) e rendimento de semente por fruto (RSF) e

12 agronômicos: comprimento do racemo (CR), e comprimento efetivo do racemo (CER), número de sementes por planta (NSP), peso de frutos por racemo (PFR), número de frutos por racemo (NFR), peso de racemos por planta (PRP), peso de semente por racemo (PSR), número de sementes por racemo por planta (NSRP), peso de sementes por planta (PSP), número de frutos por planta (NFP) e produtividade (PROD). Atendendo ao disposto no Formulário de Instruções para Execução dos Ensaios de Distinguilidade, Homogeneidade e Estabilidade de Cultivares de mamona do MAPA (BRASIL, 2008), com auxílio de imagens apresentadas no Documento 192 da Embrapa (MILANI, 2008), as classes fenotípicas foram assim determinadas: Presença de coloração antocianínica, observação visual até o 10^o dia da germinação (Figura 3. a); A cerosidade no caule (Fig. 3 – b, c), constatação feita com a remoção da camada de cera do caule, com auxílio dos dedos; Coloração do caule (Fig. 3 – d, e, f, g), observação visual, com comparação das imagens do Documento 192 da Embrapa e nas classes fenotípicas do Mapa; Localização das flores masculinas, avaliando se flores masculinas estão em sua maioria na parte inferior do racemo primário ou entremeadas com as femininas (Fig. 3 – g); Cerosidade da face superior do limbo (Fig. 3 - h), foi observada a presença ou ausência de cerosidade no limbo superior das folhas maduras; Coloração da face superior do limbo (Fig. 3 - h), verificada visualmente na face da segunda folha madura localizada logo abaixo do racemo primário; Coloração dos acúleos dos frutos (Fig. 3 - i), observação visual e determinada de acordo com a quantidade de frutos abertos; Cerosidade do fruto, constatação visual da presença de cera (Fig. 3 – j); Cor do fruto, tomando como base o Documento 192 da Embrapa e nas classes fenotípicas do Mapa, fazendo uma avaliação comparativa com o estabelecido nos documentos (Fig. 3 – j); Arquitetura da planta (Fig. 3 - l, m, n), observação visual e fotograficamente das plantas analisando a sua arquitetura; Densidade do racemo (Fig. 3 - o), e forma do racemo (Fig. 3 - p), realizadas no primeiro racemo e de forma visual; Flores masculinas nos racemos (Fig. 3 - q), constatando visualmente se há presença ou ausência de flores masculinas; Presença de coloração secundária, avaliações feitas visualmente nas sementes colhidas (Fig. 3 – s); Coloração principal da semente, diagnóstico visual correspondendo à coloração predominante na observação (Fig. 3 – t); Protuberância da carúncula, descrição de como a protuberância se apresenta na semente (Fig. 3 – u); Inserção do racemo primário,

medição do solo até o ponto de inserção do racemo, utilizando trena; Diâmetro do caule, aferição com uso de um paquímetro digital da circunferência do terço médio do caule; Comprimento médio de internódios do caule, obtido pela relação NIC/IRP; Número de Internódios do caule, observado a quantidade de cicatrizes presentes no caule;



Fonte: Arquivo NBIO / CAPINAN, 2018.

Figura 3. Descritores morfoagronômicos avaliados em 490 genótipos e sete parentais de mamoneira. Cruz das Almas – BA, 2018-2019. Pigmentação antocianínica: (a); Coloração do caule: (b); Presença de cerosidade do caule: (c); Coloração verde clara: (d); Coloração avermelhada: (e); Coloração verde escuro: (f); Tonalidades diversas do caule: (g); Coloração da face superior do limbo: (h); Ausência de cerosidade na face superior do limbo: (h); Presença de acúleos nos frutos: (i); Coloração avermelhada dos acúleos: (i); Coloração esverdeada dos acúleos: (j); Arquitetura de plantas: aberta (l), ereta (m) e semi ereta (n); Densidade do racemo: (o); Densidade e forma do racemo: (p) e (r); Disposição das flores feminias no racemo: (q); Forma, coloração primária e secundária, tipo de coloração e protuberância da carúncula: (s), (t) e (u).

A face superior do limbo, detectado de acordo com o ângulo formado pelo limbo foliar na face superior; Pigmentação da Nervura Principal (PNP), observação visual da cor das nervuras na face inferior das folhas maduras; Coloração do estigma, detectando no primeiro racemo a coloração do estigma antes da polinização; Florescimento, estimação da data pela subtração da data de florescimento pela data de germinação; Estatura da planta, medido com auxílio de uma trena do solo até o ápice do ramo mais alto da planta; Comprimento do Racemo Primário, com uma régua, toma-se a medida do ápice do 1º racemo até a cicatriz do primeiro nó; Presença de acúleos nos frutos e densidade dos acúleos dos frutos, avaliações realizadas visualmente e mensurada de acordo com a existência e quantidade de acúleos; Coloração secundária da semente, tomando como base as imagens do Documento 192 da Embrapa e nas classes fenotípicas do Mapa; Tipo de coloração secundária, avaliação visual da forma da coloração; Forma da semente, analisada o seu formato de forma visual; Peso de 100 sementes a 9 % de umidade, após determinada a umidade de acordo com a RAS (BRASIL, 2009) pelo método da estufa a 105 °C, determinou-se o peso de 100 sementes a 9% de umidade; Rendimento de sementes por fruto, valor estipulado por meio da porcentagem do peso das sementes pelo peso dos frutos. Número de frutos por racemo, determinado como uma média da contagem do número de frutos dos quatro primeiros racemos; Número de sementes do racemo primário, contagem manual do número de sementes do primeiro racemo. Número de sementes por racemo, contagem manual do número de sementes dos quatro primeiros racemos; Peso de sementes por racemo, aferição manual com auxílio de uma balança analítica, do peso das sementes dos quatro primeiros racemos; Peso de sementes por planta, somados os pesos das sementes dos quatro primeiros racemos, utilizando uma balança analítica; Número de frutos por planta, contagem manual do número de frutos dos quatro primeiros racemos. Número de sementes por planta, contagem manual do número de sementes dos quatro primeiros racemos; Peso do racemo por planta, aferição do peso dos quatro primeiros racemos, utilizando uma balança analítica; Peso dos frutos por racemo, estimado tomando o peso dos frutos dos quatro primeiros racemos, utilizando uma balança analítica. Produtividade, estimativa realizada com base no peso das sementes produzidas por cada planta em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Comprimento do racemo, aferição do comprimento total do racemo com auxílio de uma régua, medindo-

se do ápice até a base na inserção no caule. Comprimento efetivo do racemo, medição com auxílio de uma régua entre o ápice do racemo até o último pedúnculo.

Em relação aos descritores calculou-se as frequências percentuais de cada categoria e o nível de entropia desses caracteres (H), utilizando o coeficiente de Rényi (1961):

$$H = - \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i$$

Sendo a entropia utilizada como uma medida da frequência da distribuição de (n) linhagens $P = (p_1, p_2 \dots p_s)$, sendo: $p_1 = f_1/n$ e $(p_1 + p_2 + \dots + p_s = 1)$ desde que $(n = f_1 + f_2 + \dots + f_s)$, onde f_1, f_2, \dots, f_n , são as contagens de cada uma das classes (s) no descritor observado (VIEIRA et al., 2008). Para estimar os valores da entropia utilizou-se o programa Multiv v.2.3 (PILLAR, 1997).

Para estimativa da similaridade genética (SG= d_{ii}') entre todos os pares de genótipos, foi utilizado o índice de coincidência simples. Este índice leva em consideração a ocorrência de concordância e discordância entre valores. Para isso:

$$D_{ii}' = C/C+D$$

onde: C – Concordância de categoria, D – Discordância de categoria.

A matriz de similaridade é convertida em uma matriz de dissimilaridade genética (DG) a partir do complemento da matriz de similaridade estimada ($DG = 1 - SG$), e como base na matriz de dissimilaridade genética, os genótipos passaram a formar grupos pelo método de otimização de Tocher.

Para os descritores quantitativos os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) pelo teste F, sendo realizado o teste de Tukey a 1% de probabilidade. Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados observados na tabela 1 apontam a existência de variabilidade genética na população estudada uma vez que, dentre os 35 caracteres avaliados,

a maioria deles, ou seja 62%, revelaram valores superiores a 0.60 indicando a formação de classes fenotípicas distintas dentro daquele caráter, sendo possível a sua exploração, para os mais variados interesses do programa, não obstante 38% apresentaram valores inferiores a 0,6 e em alguns casos de 0,0, imprimindo o surgimento de poucas classes altamente desbalanceada, ou a formação de apenas um agrupamento, refletindo na possibilidade de uma maior quantidade de genótipos inseridos ou não na classe de interesse, sendo em muitos casos requerida essa situação por apresentar vantagens para o desenvolvimento da cultura.

Os descritores apresentados com poucas classes fenotípicas e baixa homogeneidade nas frequências podem ser classificados como de baixa entropia e, portanto, pouco informativo quanto à variabilidade. Para Lima (2016), na cultura do tabaco, descritores com entropia abaixo de 0,60, bem como aqueles com frequência de 100% em única classe, devem ser descartados, desde quando, observados com bom senso e cautela quanto a perda de informações para um resultado significativo do trabalho. Para determinação ou classificação do nível de entropia, deve ser levado em consideração o interesse da pesquisa, podendo ser explorados a um nível de entropia que não acarrete perda de informação importante, e que possa ser explorado de acordo com o direcionamento das avaliações a serem realizadas (SOUZA, 2018).

Os níveis de entropia dos descritores variam de zero (0,0) para presença de pigmentação antocianínica (PA), cerosidade da fase superior do limbo (CEFSL), flores masculinas nos racemos (FMR), localização das flores masculinas no racemo (LFMR), presença de acúleos nos frutos (PAF) e forma da semente (FS) a 1,22 para coloração principal das sementes (CPS), observados na Tabela 1. Resultados equivalentes foram encontrados por Silva et al. (2019), ao avaliar a variabilidade genética do banco de germoplasma de mamoneira da UFRB, encontrando 100% de presença de coloração antocianínica em toda a população. O nível de entropia relaciona-se com o número de classes fenotípicas e com a proporção destas na população em estudo, sendo, portanto, possível de grande variação (VIEIRA et al. 2008)

Desta forma, os descritores que apresentam maior número de classes e, ao mesmo tempo, valores de frequência distribuídos de maneira proporcional nas classes foram: CPS (1,22) distribuídas em seis classes, sendo 44,1% de

tonalidade preta, resultado equivalente ao encontrado por Silva et al. (2019), demonstrando distribuição equitativa e homogênea. A morfologia geral das sementes está intimamente ligada à taxonomia, fornecendo a base de informações pelas quais as sementes podem ser distinguidas e classificadas. Em muitos casos, as características estruturais elucidam ou verificam a definição, posição ou relacionamento de várias categorias taxonômicas, assim, esses caracteres seriam de interesse para o uso, na morfologia das sementes.

A estatura de plantas (EST) apresentou entropia de 0,92 com quatro classes, sendo 32,6% dos genótipos enquadrados como muito baixos, 58,4% como baixos, 8,7% com medianos, 0,4% como altos e ausência (zero) da classe muito alta. Souza-Schlick et al. (2018) constataram que plantas com menor estatura apresentam maior rendimento por área plantada. Para Udoh et al. (2016), quanto mais altas são as plantas, mais trabalhos são desprendidos para os cultivos durante o ciclo, bem como para o processo de colheita, sendo mais adequadas aquelas plantas de porte reduzido, o que implica na constituição de plantas com menor dreno vegetativo, possibilitando adensamento e conseqüentemente a colheita mecanizada, garantindo maior rentabilidade para a cultura por área cultivada (PIVETTA et al., 2019; LOPES et al., 2008; FERREIRA et al., 2009). No entanto, o aumento de densidade foi avaliado em trabalho com Pivetta et al. (2017) encontrado redução do número de racemo por planta e também a redução da produtividade de sementes por área cultivada. O porte mais adequado não deve exceder os dois metros de altura, conforme Mundstock et al. (2005), onde o mesmo autor comenta que o crescimento vegetativo demasiado, além de dificultar a colheita, diminui a produtividade, isso porque a planta apresenta um maior gasto energético para a formação de folhas e caules, o que compromete a produção de sementes. Para Nóbrega et al. (2001) as mamoneiras podem ser classificadas em anã, com altura menor que 90,00 cm, muito baixa quando apresentam de 90,00 a 150,00 cm, baixa quando apresenta altura de 151,00 a 200,00 cm, as de média altura que vai de 201,00 a 250,00 cm, as altas com altura entre 251,00 a 300,00 cm e aquelas muito altas, acima de 300,00 cm. No entanto, foi descrito pelo MAPA (2008) e adotado neste trabalho, a classificação de plantas muito baixas (até 100,00 cm), baixas de 101,00 a 150,00 cm, média de 151,00 a 200,00 cm, alta de 201,00 a 250,00 cm e muito alta maior que 250,00 cm. Assim, a redução de estatura na classe de muito baixa (32,6%)

são preferidas com possibilidade de seleção, encontradas em 162 genótipos da população em estudo.

Quanto ao número de racemos colhidos (NRC) com entropia de 0,80, três classes são estabelecidas, sendo 59,0% de genótipos com baixo número de racemos comerciais, 37,2% como de médio número e 3,8% de genótipos com alto número de racemos comerciais, sendo este último a classe como a pretendida no programa de melhoramento da mamoneira por um possível aumento da produtividade. Assim, os genótipos que apresentaram alto número de racemos na população em estudo foram: UFRB₄₃₈, UFRB₅₁₃, UFRB₅₁₅, UFRB₅₈₅, UFRB₆₄₇, UFRB₆₅₂, UFRB₆₅₄, UFRB₆₅₅, UFRB₆₅₇, UFRB₆₆₈, UFRB₆₈₀, UFRB₆₈₄, UFRB₆₉₉, UFRB₇₀₀, UFRB₇₀₄, UFRB₇₃₃, UFRB₇₃₅ e UFRB₇₉₉. Embora o aumento na quantidade de racemos tenda para uma maior produção de sementes, conforme relatado por Azevedo e Lima (2001), isso não reflete diretamente em uma maior produtividade, uma vez que outros fatores, tais como densidade, tamanho e número de frutos por racemos também influenciam na produtividade da cultura. Assim, Souza et al. (2007) verificaram maiores produtividades nos plantios que emitiram menor número de cachos e conseqüentemente maior peso de sementes. Para Sorato et al. (2010), e Bizinoto et al. (2010) maiores densidades (superiores a 26.000 plantas/ha) resultam em um menor número de racemos produzidos, devido a uma menor área de captação de luz, ocasionando menor produção de massa de matéria seca, comprometendo uma arquitetura produtiva mais adequada, inibindo uma maior expressão do potencial de emissão de racemos pelas plantas. O caráter em questão agrupado com os demais, carrega em si grande importância para o progresso do melhoramento genético da espécie, e por esse motivo, deve ser explorado de maneira mais efetiva para garantir a sua total contribuição como um dos componentes de produtividade.

A deiscência dos frutos (DF) apresenta nível de entropia de 0,69, distribuindo os genótipos em três classes, sendo 67% enquadrados como semideiscente, 32% indeiscentes e 1,0% deiscente. A deiscência dos frutos imprime perdas de 2% a 45%, obrigando colheitas prematuras, ocasionando decréscimo quanto ao teor de óleo pela perda de produtividade, motivada pela diminuição de frutos com maturação fisiológica completa, inviabilizando os processos de formação de óleo (LUCENA et al., 2008; RITZIINGER et al., 2014; LAVANYA et al., 2018). Os frutos semideiscente por apresentarem abertura

parcial, apresentam grande vantagem para os cultivos, por possibilitar uma ou poucas colheitas, proporcionando um menor custo de produção. Desse modo, na população estudada 67% dos genótipos, ou seja, 332 plantas apresentam comportamento semideiscente, existindo a possibilidade de seleção conjunta para caracteres de interesse e que proporcionem incremento positivo na produtividade da cultura.

A distribuição da população em estudo nas três classes estabelecidas para o caráter arquitetura de plantas (ARQP), bem como da quantidade de genótipos equivalentes em cada grupo, revela uma entropia de 1,09 (Tabela 1). Um total de 35% dos genótipos foram classificados como de arquitetura ereta, 38,2% enquadrados como semiereta e 26,8% como de disposição aberta. Essas variações possibilitam novas distribuições espaciais na implantação da cultura, viabilizando diferentes métodos de cultivo e novas épocas de semeadura para atender à demanda do mercado. Plantas que crescem isoladas apresentam morfologia diferente daquelas que se desenvolvem em conjunto numa população, e isso implica em mudanças na sua funcionalidade (BIANCHI et al., 2006). Por conseguinte, espaçamento e densidade determinam o arranjo de plantas, ou seja, o número de plantas por área, que maximizem o uso eficiente das folhas quando da interceptação de luz. Sendo assim, uma planta com arquitetura ramificada (aberta) deve ter o índice de área foliar ajustado para que se obtenha um maior incremento da produtividade da cultura (GONDIM et al., 2014). A arquitetura das plantas de mamona apresenta, de certa forma, um entrave quando se busca o cultivo mecanizado, no entanto, o uso de plantas com poucas ramificações ou eretas, tendem a solucionar eventuais problemas de condução da lavoura (BALDANZI et al., 2003). Em condução de plantas de mamoneira, com desbaste dos ramos laterais e permanência apenas do ramo principal, Fioreze et al. (2016) alcançaram produtividade superior em relação a arquitetura semiereta ou aberta, devido a um melhor aproveitamento das folhas pela luz solar, por não ter a eficiência fotossintética comprometida por auto sombreamento. Dada a importância da manutenção de plantas com arquitetura ereta, no estabelecimento das lavouras comerciais, um grupo formado por 173 genótipos se destacam nesse estudo, sendo passíveis de seleção.

O rendimento de sementes por fruto (REND) apresentou entropia de 0,71, sendo considerado de média entropia, com formação de três classes fenotípicas

com desequilíbrio entre elas, sendo possível identificar variação de 64,4%, 34,2% e 1,4% respectivamente de baixo (até 60%), médio (entre 61 e 80%) e alto rendimento (acima de 80%). Por se tratar de um fator de elevada importância quanto à identificação para aumento da produtividade, verifica-se que os genótipos: UFRB₃₃₆, UFRB₃₄₄, UFRB₄₂₉, UFRB₅₃₇, UFRB₆₅₂, UFRB₇₃₇ e UFRB₇₈₉ apresentam alto rendimento, possibilitando a seleção para futuros trabalhos de melhoramento. Devid et al. (2019) estudando as cultivares IAC Guarani, AL Guarany 2002 e IAC 2028, obtiveram resultados variando de 48,5% a 53,8%, sendo inferior aos obtidos neste trabalho com 20,28% a 89,35%.

No presente estudo (Tabela 1), observa-se na população elevada entropia da ordem de 1,06 para o peso de 100 sementes (P100), possibilitando a distribuição dos genótipos em três grupos distintos e com frequência equivalente, sendo 51,5% deles com peso superior a 55g, 27,7% apresentam peso médio compreendido entre 41 e 55 g e 21,3% revelam peso inferior a 40 g. Este descritor tem elevado efeito no caráter produtividade na mamoneira, estando o potencial produtivo intimamente relacionado com o aumento nos valores alcançados pelos seus componentes produtivos (SOUZA, 2007; KOUTROUBAS et al., 1999). Segundo estudos realizados por Severino et al (2004) o peso das sementes reflete no seu volume, bem como na sua densidade, características influenciadas pelo genótipo e das condições de ambientes na qual se desenvolve. Por se tratar de um dos componentes de rendimento, conforme relatado por Devid et al. (2019), Liu et al. (2017) e Raihan et al. (2016), o peso de sementes ainda traz consigo uma possível correlação com o teor de óleo das sementes (SOUSA et al., 2011; NOBRE et al., 2012; SHAH et al., 2015). Dessa maneira, pode-se verificar que 256 genótipos, correspondente a 51,5% da população, apresentam, para o peso de 100 sementes, valores superiores a 55g; atributo que confere a esse grupo grande importância, pela possibilidade de seleção de constituições enquadradas nos anseios do melhoramento da espécie.

A população em estudo foi separada em três grupos distintos para densidade de acúleos (falso espinho), revelando as três classes existentes para esse descritor, embora com quantidades diferentes quanto ao número de genótipos por classe, apresenta entropia de 0,70 e, portanto, considerada de magnitude mediana. Assim, 2,8% dos genótipos apresentam frutos com baixa quantidade de acúleos, 70,4% com média e 26,8% apresenta alta quantidade de

acúleos nos frutos. A presença de acúleos tem sido reportada como de importância para impedir a presença de insetos danosos a cultura (NAPOLEÃO, 2009). Embora, não requer elevada quantidade dos mesmos no fruto, como relatado em trabalhos de Lima e Soares (1990), avaliando acúleos em frutos de mamoneira, observaram que essas estruturas quando em poucas quantidades nos frutos, implicaram em plantas com maior resistência a doenças, fato este que pode estar diretamente ligado a um maior arejamento na superfície dos frutos, o que dificulta a criação de atmosfera úmida e propícia para o desenvolvimento e proliferação de inúmeras patógenos causadores de diversas injúrias à cultura. Nesta ordem, a população em estudo apresenta 13 genótipos com baixa quantidade de acúleos, os quais podem ser avaliados em conjunto com os demais caracteres de interesse, sendo possível incorporação de plantas resistentes

Para protuberância da carúncula (PDC), estrutura importante, para dispersão das sementes pelos insetos, bem como na absorção de água para germinação das sementes (KAPIL e BHATNAGAR 1994; LISCI et al., 1996), obteve-se uma entropia de 0,68, apresentando leve protuberância em 40,2% e acentuada em 59,8% dos genótipos, valores distribuídos de forma equitativa na população, diferenciando de valores encontrados por Silva et al. (2019) trabalhando com banco de germoplasma de mamoneira, no qual encontraram 96% da população com protuberância leve da carúncula. Pode-se inferir que a população segregante avaliada neste estudo demonstra, de forma mais equilibrada, a distribuição entre as frequências observadas para o caráter mensurado.

Os frutos que compõem a estrutura do racemo, podem estar dispostos de maneira a proporcionar um maior ou menor espaços entre si. Para Savy Filho et al. (2007) quando essa conformação apresenta menores espaçamentos, ou seja, maior densidade, propicia um microclima favorável a proliferação do patógeno causador do mofo cinzento (*Amphobotrys ricini*), que conseqüentemente pode acarretar perdas de até 100% de produtividade, nos genótipos com maior susceptibilidade, comprometendo o potencial produtivo da cultura (Lima et al., 2011). Por outro lado, os racemos mais compactados, tendem a apresentar um maior número de frutos, e conseqüentemente uma maior produtividade (RUKHSAR et al., 2018). Desse modo, a seleção de genótipos com maior densidade de frutos, pode culminar na escolha de excelentes exemplares, que carreguem consigo grande potencial produtivo para a cultura, atrelado a outros

descritores de igual importância para a produtividade. Neste sentido, fica demonstrado (Tabela 01) que a população em estudo apresenta grande potencial para exploração, uma vez que a entropia revelada para a densidade do racemo (DR) foi de 0,66, valor considerado de magnitude mediana, enquadrando, portanto, 17,9% dos genótipos como de densidade intermediária, 77,1% com esparsos e 5,0% deles como de densidade compacta.

Segundo Azevede et al. (2007), a mamoneira é uma das plantas que sofre variação intensa quanto a coloração do caule (CC), fato comprovado nesse estudo, ao revelar entropia de 0,86, distribuindo, desta forma, a população em seis (6) classes das oito (8) existentes para o descritor. Assim, 0,2% da população apresenta coloração verde-clara, 0,8% tem cor rosada, 5,2% apresenta coloração verde-médio, 6,8% com a cor verde-rosada, 10,7% apresentam-se vermelha e 76,3% manifestam coloração marrom-avermelhada. Para Shankar et al. (2019) a cor verde é expressa de forma recessiva, enquanto as demais dominantes. Em ensaios realizados por Rodrigues et al. (2014), foi observada uma variação para esta característica com 66,66% dos acessos apresentando a coloração do tipo rosa. Para Silva et al. (2019) a variação foi da ordem de 30,77% para a coloração verde-clara e apenas 0,96% para a vermelha.

O comprimento médio de internódios do caule (CMIC), possibilita distribuir a população em estudo, nas três classes definidas para esse descritor, enquadrando 49,9% dos genótipos como de comprimento médio, 49,7% como longo e 0,45% como de comprimento curto, contribuindo para obtenção da entropia da ordem de 0,72 e, portanto, considerada de média magnitude. Um outro descritor de igual importância ao CMIC é o número de internódios do caule (NIC), o qual apresenta comportamento semelhante ao distribuir os genótipos, nas três classes a ela atribuída, ficando 57,1%, 42,3% e 0,6% da população classificada, respectivamente como sendo de baixo, médio e alto número de internódios do caule, revelando entropia de 0,72. Esses dois descritores, mantêm relação pois, na busca por plantas com menor estatura, a preferência é que estas apresentem maior NIC com o CMIC entre as classes média a curta, assegurando melhor robustez à planta, minimizando o acamamento e obtendo melhor aproveitamento de luz (SANTOS et al., 1986). A estatura reduzida é um dos requisitos essenciais na escolha de plantas a serem utilizados nos programas de melhoramento genético da mamoneira, caráter diretamente ligado ao

comprimento médio de internódios do caule, o que para Pinto et al. (2011) os CMICs menores desenvolvem plantas menores, favorecendo a ocorrência de maior partição de fotoassimilados, o que contribui para formação da produção de sementes. Para Banxato et al. (1969) a estatura tem grande importância para a cultura, pela influência direta com a altura, podendo apresentar precocidade, quando menor, ou comportamento tardio ao apresentar maior número de internódios. Assim, a população em estudo possui inúmeras possibilidades de seleção em conjunto para ambos descritores, por possuir 250 genótipos com médio e curtos CMIC e 213 genótipos com médio e alto NIC, imprimindo maiores avanços na seleção das melhores constituições.

Tabela 1. Descritores avaliados, classes fenotípicas, frequências dos genótipos em cada uma das classes e o nível de entropia (H) avaliados em 490 genótipos e sete parentais de mamoneira. Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

Descritor	Classes fenotípicas	Frequência dos genótipos (%)	Entropia (H)
PA - Pigmentação Antocianínica	1. Presença	100.0	0.00
	2. Ausência	0.0	
FLO - Florescimento	1. Tardio	97.8	0.11
	2. Precoce	0.2	
	3. Médio	2.0	
IRP - Inserção do racemo primário	1. Média	87.7	0.46
	2. Baixa	6.2	
	3. Alta	6.0	
DC - Diâmetro do caule	1. Fino	96.4	0.14
	2. Médio	3.6	
	3. Grosso	0.0	
CMIC - Comprimento Médio do Internódio do Caule	1. Curto	0.4	0.72
	2. Médio	49.9	
	3. Longo	49.7	
NIC - Número de Internódios do Caule	1. Baixo	57.1	0.72
	2. Médio	42.3	
	3. Alto	0.6	
CE - Cerosidade do Caule	1. Ausência	80.3	0.49
	2. Presença	19.7	
CC - Coloração do Caule	1. Verde-clara	0.2	0.86
	2. Verde-media	5.2	
	3. Verde-escura	0.0	
	4. Verde-rosada	6.8	
	5. Rosada	0.8	
	6. Vermelha	10.7	
	7. Marrom-avermelhada	76.3	
	8. Roxa	0.0	
FSL - Face Superior do	1. Plana	71.6	0.62

Limbo	2. Pouco afunilada	28.4	
	3. Afunilada	0.0	
PNP - Pigmentação da Nervura Principal	1. Esverdeada	13.1	0.39
	2. Avermelhada	86.9	
CEFSL - Cerosidade da Fase Superior do Limbo	1. Ausente	100.0	0.00
	2. Presente	0.0	
CFSL - Coloração da Face Superior do Limbo	1. Verde-avermelhada	78.9	0.61
	2. Verde-médio	0.0	
	3. Verde-escura	20.3	
	4. Rosada	0.0	
	5. Verde-clara	0.2	
	6. Vermelha	0.6	
	7. Roxa	0.0	
FMR - Flores Masculinas nos Racemos	1. Presente	100.0	0.00
	2. Ausente	0.0	
LFMR - Localização das Flores Masculinas	1. Predominante na parte inferior do racemo.	100.0	0.00
	2. Entremeadas com as femininas.	0.0	
CE - Coloração do Estigma	1. Amarelada	0.0	0.62
	2. Alaranjada	26.4	
	3. Esverdeada	0.0	
	4. Avermelhada	73.6	
	5. Rosada	0.0	
DR - Densidade do Racemo	1. Intermediária	17.9	0.66
	2. Esparsa	77.1	
	3. Compacta	5.0	
FR - Forma do racemo	1. Globosa	30.6	1.02
	2. Cônica	50.9	
	3. Cilíndrica	18.5	
CEF - Cerosidade do Fruto	1. Ausente	22.5	0.63
	2. Presente	77.5	
CF - Cor do Fruto	1. Amarelada	0.4	0.62
	2. Verde-clara	4.6	
	3. Verde-média	86.5	
	4. Verde-escura	8.0	
	5. Verde-rosada	0.2	
	6. Rosa	0.0	
	7. Vermelha	0.2	
PAF - Presença de Acúleos nos Frutos	1. Presente	100.0	0.00
	2. Ausente	0.0	
DAF - Densidade dos Acúleos dos Frutos	1. Baixa	2.8	0.70
	2. Média	70.4	
	3. Alta	26.8	
CAF - Coloração dos Acúleos dos Frutos	1. Amarelada	0.2	0.82
	2. Verde-clara	3.0	
	3. Verde-média	1.8	
	4. Verde-escura	0.0	
	5. Verde-rosada	23.3	
	6. Rosada	1.4	
	7. Vermelha	9.9	
	8. Roxa	60.4	
EP - Estatura de Planta	1. Muito baixa	32.6	0.92

	2. Baixa	58.4	
	3. Média	8.7	
	4. Alta	0.4	
	5. Muito alta	0.0	
AQP - Arquitetura da Planta	1. Ereta	35.0	
	2. Semiereta	38.2	1.09
	3. Aberta	26.8	
NRC- Número de Racemos Colhidos	1. Baixo	59.0	
	2. Médio	37.2	0.80
	3. Alto	3.8	
CRP - Comprimento do Racemo Primário	1. Curto	86.1	
	2. Médio	13.5	0.43
	3. Longo	0.4	
DF - Deiscência dos Frutos	1. Semideiscente	67.0	
	2. Indeiscente	32.0	0.69
	3. Deiscente	1.0	
PCS - Presença de Coloração Secundária	1. Presente	98.4	
	2. Ausente	1.6	0.09
CPS - Coloração Principal da Semente	1. Branca	0.2	
	2. Amarelada	0.0	
	3. Avermelhada	0.0	
	4. Marrom clara	0.2	
	5. Marrom média	4.2	1.22
	6. Marrom escura	28.0	
	7. Marrom avermelhada	23.3	
	8. Preta	44.1	
	9. Acinzentada	0.0	
CSS - Coloração Secundária da Semente	1. Branca	1.8	
	2. Amarelada	0.0	
	3. Avermelhada	0.0	
	4. Marrom-clara	97.8	0.15
	5. Marrom-média	0.0	
	6. Marrom-escura	0.4	
	7. Marrom-avermelhada	0.0	
	8. Preta	0.0	
TCS - Tipo de Coloração Secundária	1. Pintada	17.7	
	2. Rajada	20.7	0.93
	3. Pontuada	61.6	
FS- Forma da Semente	1. Arredondada	0.0	0.00
	2. Elipsoide	100.0	
PC - Protuberância da Carúncula	1. Leve	40.2	0.68
	2. Acentuada	59.8	
RSF - Rendimento de Sementes por Fruto	1. Baixo	64.4	
	2. Médio	34.2	0.71
	3. Alto	1.4	
Peso de 100 sementes a 9 % de umidade	1. Alto	51.5	
	2. Médio	27.2	1.06
	3. Baixo	21.3	

Avaliando a frequência com que os caracteres promissores para o melhoramento da mamoneira surgem na população em estudo, é possível

promover um aproveitamento da variabilidade presente com a identificação destes, mesmo quando forem de baixa frequência, mas, sobretudo, como fonte de interesse para uma possível seleção e fixação destes genes. Assim, é possível verificar a presença de coloração antocianínica em 100% dos genótipos com valor de entropia igual a zero (0,0), embora o descritor apresente-se com baixo nível é de grande importância para a cultura, uma vez que, as antocianinas têm um papel importante nas plantas, atuando como antioxidantes, proteção à ação da luz, mecanismo de defesa e função biológica (LOPES et al., 2017).

Para o florescimento a entropia foi de 0,1 sendo 97,8% dos genótipos considerados como tardio (acima de 60 dias), 0,2% precoce com florescimento até 30 dias e 2,0% com média precocidade (entre 31 e 60 dias). A mamoneira por apresentar florescimento intervalados com média de 20 a 35 dias entre a emissão das inflorescências primárias, secundárias e terciárias, implica em colheitas parceladas, podendo comprometer a qualidade das sementes (SAVY FILHO, 2005). Assim, florescimento tardio, implica na realização de colheita única, o que pode ocasionar perdas na produtividade. Neste sentido, plantas com florescimento precoce (até 30 dias) ou de média precocidade (31 a 60 dias) são vantajosas para o melhoramento da mamoneira devido à diminuição do tempo de permanência no campo diminuindo os efeitos do ambiente conforme relatado por Terra et al. (2015) e que segundo Prasad et al. (1984) genótipos produtivos com florescimento e maturação precoces devem ser selecionados para cultivos nas regiões semiáridas, caracterizadas por estresse hídrico periódico. Na polpação em estudo, apenas o genótipo UFRB₇₈₉ apresenta-se como precoce, já os genótipos: UFRB₅₂₀, UFRB₅₂₂, UFRB₅₂₇, UFRB₅₂₈, UFRB₅₂₉, UFRB₅₃₀, UFRB₆₅₂, UFRB₆₅₃, UFRB₇₈₃, são enquadrados como de média precocidade, resultados estes que indicam a existência de 10 genótipos em potencial, para quando agregado aos demais descritores de interesse do programa, sirvam como exemplares para o melhoramento genético da espécie.

A inserção do racemo primário, apresenta 6% dos genótipos com mais de 100 cm, considerados como de alta inserção, já para 87,7% da população houve uma variação de 51 a 100 cm, e por tanto de média e 6,2% desses genótipos foram classificados como de baixa inserção, por apresentarem menos de 50 cm de altura. A distribuição da população nas três classes determinadas para o descritor, apresenta forte desbalanceamento, imprimindo um valor de entropia de

0,46. De acordo com Pinto et al. (2011), plantas com baixas inserção do racemo primário, apresentam, possivelmente, melhor partição de carbono para a formação dos cachos e conseqüentemente maior rendimento de grãos para a cultura. Para Silva et al. (2017), plantas de mamona com baixa estatura proporciona o uso em sistema de rotação de culturas com curtos espaçamentos, o que para Sorato et al. (2011) favorece ao aumento de plantas por área, maior adensamento e conseqüentemente elevando a produção. Pela necessidade de desenvolvimento de plantas com inserção do racemos primário adequado pela importância apontada, fica evidenciado que na população em estudo os 29 genótipos (UFRB₅₅₁, UFRB₅₅₃, UFRB₅₅₉, UFRB₅₆₀, UFRB₅₆₁, UFRB₅₆₃, UFRB₅₆₄, UFRB₅₆₅, UFRB₅₇₁, UFRB₅₇₂, UFRB₅₇₃, UFRB₅₇₄, UFRB₆₁₇, UFRB₆₂₄, UFRB₆₂₇, UFRB₆₂₈, UFRB₆₂₉, UFRB₆₅₁, UFRB₇₂₆, UFRB₇₆₅, UFRB₇₇₁, UFRB₇₇₃, UFRB₇₇₅, UFRB₇₇₉, UFRB₇₈₀, UFRB₇₈₄, UFRB₇₈₅, UFRB₇₈₉ e UFRB₇₉₄) destacam-se dentre os demais por apresentarem baixa inserção do racemo primário, e portanto de interesse ao melhoramento.

No comprimento do racemo primário (CRP), observa-se (Tabela 1) que a população apresenta 86,1% dos genótipos enquadrados como curto (menor que 31 cm), 13,5% como médio (entre 31 e 50 cm) e apenas 0,4% como de longo comprimento (maior que 50 cm). O desequilíbrio entre o número de indivíduos em cada classe imprime ao componente uma entropia de 0,43, sendo, portanto, considerada de baixa magnitude, no entanto permitindo a exploração daqueles grupos de interesse. Thatikunta e Prasad (2001), identificaram correlação positiva entre o comprimento do racemos com tamanho de sementes, número de frutos, peso de frutos, peso de sementes e número de sementes, descritores que também foram relatados por Sarwar e Chardhry (2008), como de efeito direto com a produtividade. No intuito de seleção de genótipos com maiores comprimentos de racemos tem-se na população em estudo os genótipos UFRB₄₇₂ e UFRB₅₃₂, os quais podem ser utilizados para incorporação desta característica em futuros cruzamentos, para obtenção de possíveis aumento na produtividade da cultura.

A face superior do limbo (FSL) apresenta duas classes, sendo plana ou afunilada, correspondendo respectivamente a 71,6% e 28,4% da população em estudo, distribuição essa, que imprime uma entropia de 0,60, pelo desequilíbrio proporcionado. Resultados equivalentes aos encontrados por Oliveira Neto (2017) avaliando um banco de germoplasma de acessos formados por mamoneira

selvagens, de diversas partes do Brasil. A forma que se apresenta o limbo da folha, possibilita a caracterização morfológica da espécie, sendo um dos descritores mínimos usados para classificação morfológica. Para exploração, dependendo do interesse e da importância da conformação da face do limbo a população conta com 356 genótipos com face plana e 141 com face pouco afunilada, podendo ser explorados nas suas mais variadas combinações, com os demais descritores.

Já a coloração da face superior do limbo (CFSL) a entropia foi de 0,56, ficando 78,9% da população, ou seja, 392 genótipos com coloração verde avermelhada, 101 genótipos, correspondendo a 20,3% da população, com coloração verde escuro, 3 genótipos com coloração vermelha (0,6%) e 1 genótipo (0,2%) com a coloração verde clara. Resultados equivalentes ao número de classes encontrados por Arif et al. (2015) ao avaliar a estrutura populacional de mamoneiras nativas, na qual encontrou 63% com coloração verde, 14% verde escura e 19% de coloração verde clara.

Todos os genótipos avaliados apresentam ausência de cerosidade na fase superior do limbo (CEFSL), revelando entropia 0,0 (zero). No entanto, a cerosidade, quando presente, confere as plantas defesa ao déficit hídrico (MARENCO et al., 2007), sendo, portanto, uma característica interessante a ser explorada por conferir às plantas menores perdas de água pelo processo fisiológico de evapotranspiração, tornando-as mais eficientes (ZHENGBIN et al., 2011).

A presença de flores masculinas no racemo (FMR), assim como a localização das flores masculinas no racemo (LFM), apresentam entropia 0,0 (zero), constatada pela presença de 100% de flores masculinas, posicionadas na parte inferior dos racemos presentes em todos os genótipos avaliados. Como trata-se de uma planta monóica que possui como inflorescência-padrão racemos com flores femininas e masculinas, variando entre 30% e 50% de flores femininas (CLAASSEN E HOFFMAN, 1949), aumenta a possibilidade de autopolinização pois o pólen, quando maduro, é arremessado e arrastado pelas correntes aéreas para as flores femininas da mesma planta ou para as inflorescências de outras plantas. Embora considerada autógama (TÁVORA, 1982), a mamoneira apresenta alta taxa de alogamia, enquadrando-se melhor na classificação de plantas mistas ou intermediárias.

O diâmetro do caule (DC) apresenta distribuição altamente desuniforme entre suas classes, contribuindo para entropia de baixa magnitude, o que resultou em valor de 0,14, com 96,4% dos genótipos classificados como finos (menor que 3,0 cm), e 3,6% como diâmetro médio (entre 3,0 e 6,0cm). O diâmetro do caule, apresenta grande importância para o melhoramento da mamoneira, uma vez que, ao apresentar diâmetros mais finos, estes podem sofrer ação dos ventos, ocorrendo o acamamento da cultura e quando muito grossos dificultam a colheita mecanizada (NÓBREGA, 2008). Dessa forma, a exploração de plantas que apresentem diâmetros com espessura média, são mais requeridos, pelos benefícios gerados. Na população em estudo, 18 genótipos apresentam diâmetro médio, e, portanto, possíveis de exploração para uso no programa de melhoramento genético da espécie.

Em muitos casos, alguns descritores servem para elucidar ou verificar a definição, posição ou relacionamento das categorias taxonômicas, e por esse motivo são usados, apesar de não apresentarem contribuição significativa e direta com a produtividade, mas de importância quando se trabalha com identificação de variedades e cultivares, possibilitando a diferenciação entre as suas constituições podendo servir de padrão.

Nesse contexto, observa-se na Tabela 1, a coloração secundária de sementes (CSS) com a entropia de 0,15, exibindo três classes, nas quais 97,8% dos genótipos apresentam coloração marrom-clara, 1,8% com coloração brancas, e 0,4% de tonalidade marrom-escura; para tipo de coloração secundária (TCS), é possível identificar a separação da população nas três classes atribuídas a esse descritor, sendo pintada, rajada e pontuada, correspondendo respectivamente a 17,7%, 20,7% e 61,6% dos genótipos avaliados, gerando entropia de 0,93; a forma da semente (FS) apresenta-se como elipsoide em toda a população e, portanto, revelando entropia 0,0 (zero); a presença de coloração secundária (PCS) na semente é identificada em 98,4% dos genótipos e ausente em 1,6% deles, gerando entropia de 0,09. Essas características podem ser utilizadas para classificar as sementes, tornando-se úteis para distinguir e classificar, para uso nos vários campos, que incluem tanto botânico quanto agrônomo (Liu et al., 2014).

A coloração do fruto (CF) verde-média está presente em 86,5%, a verde-escura em 8,0%, coloração verde-clara em 4,6%, amarelada em 0,4% e as cores

verde-rosada e vermelha presentes em 0,2% dos genótipos; a cerosidade do fruto (CEF) foi observada em 77,5% dos genótipos e ausentes em 22,5%, conferindo entropia de 0,53; a coloração de acúleos dos frutos (CAF), apresentou entropia de 0,82, valor alcançado pela distribuição dos genótipos em 7 classes das 8 existentes para o descritor, ficando 0,2% enquadrados na coloração amarelada, 3,0% como verde-clara, 1,8% em verde-média, 23,3% como verde-rosada, 1,4% em rosada, 9,9% como vermelha, e grande parte, ou seja, 60,4% enquadradas como de coloração roxa;

A coloração da face superior do limbo (CFSL) apresenta 78,9% dos genótipos com a coloração verde-avermelhada, 20,3% verde-escura, 0,2% verde-clara e 0,6% de coloração vermelha, promovendo o valor da entropia de 0,56; a pigmentação da nervura principal (PNP) apresentou-se como esverdeada em 13,1% dos genótipos e avermelhada para 86,9% deles, com entropia de 0,39.

A cerosidade do caule (CC) não está presente em 80,3% dos genótipos e presente em 19,7% deles, possibilitando a entropia de 0,49; a coloração do estigma (CE) apresenta 73,6% da população com coloração avermelhada e 26,4% dos genótipos de coloração alaranjada, com entropia de 0,58.

Dessa maneira, observa-se que, para o primeiro ano de avaliação, alguns genótipos, apresentam grande potencial pelo fato de expressarem um maior número de descritores correlacionados com a produtividade, como precocidade, menor estatura, inserção do racemo primário, número de racemos colhidos, rendimento de sementes, no entanto, para seu efetivo estabelecimento, outros ciclos devem ser implementado para confronto de resultado e avaliação da manutenção da superioridade. Dessa forma, os seguintes genótipos configuram os de elevada importância para o melhoramento genético da espécie: UFRB₃₂₅, UFRB₃₃₀, UFRB₃₄₄, UFRB₃₃₆, UFRB₃₃₇, UFRB₄₂₁, UFRB₄₂₄, UFRB₄₂₉, UFRB₄₃₃, UFRB₄₄₃, UFRB₄₄₅, UFRB₄₅₂, UFRB₅₀₄, UFRB₅₂₃, UFRB₅₂₇, UFRB₅₂₈, UFRB₅₂₉, UFRB₅₃₇, UFRB₅₈₈, UFRB₆₂₇, UFRB₆₃₂, UFRB₆₅₂, UFRB₇₀₅, UFRB₇₀₉, UFRB₇₁₀, UFRB₇₃₇, UFRB₇₈₀, UFRB₇₈₉, UFRB₄₅₅, UFRB₄₈₈, UFRB₅₁₉, UFRB₅₂₀, UFRB₅₃₂, UFRB₅₄₀, UFRB₅₄₄, UFRB₅₄₉, UFRB₅₅₆, UFRB₅₅₉, UFRB₅₆₃, UFRB₅₆₉, UFRB₅₇₀, UFRB₅₇₁, UFRB₅₇₄, UFRB₅₇₃, UFRB₅₉₀, UFRB₅₉₅, UFRB₆₀₆, UFRB₆₁₄, UFRB₆₂₂, UFRB₆₄₀, UFRB₆₄₁, UFRB₆₄₈, UFRB₆₅₁, UFRB₆₅₂, UFRB₆₅₃, UFRB₆₅₈, UFRB₇₀₀ e UFRB₇₀₁.

A análise de variância para os descritores quantitativos (Tabela 2) demonstrou diferença significativa a 1% de probabilidade pelo teste F, para todos os 14 caracteres quantitativos analisados neste grupo de acessos. A amplitude verificada entre os valores do Coeficiente de Variação, nos permite inferir de imediato, que este comportamento está diretamente ligado a presença de variabilidade genética entre as distintas famílias avaliadas sendo possível a inclusão dos referidos caracteres nos estudos de distância genética.

Tabela 2. Resumo da análise de variância de 14 descritores quantitativos, avaliados em em 490 genótipos e sete parentais de mamoneira. Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

Descritores	Quadrado Médio	F	Média	Mínimo	Máximo	CV (%)
CR	94,93	19,26**	23,88	7,00	56,00	30,48
CER	27,82	28,13**	17,51	4,00	46,00	37,93
PRP	8.000	7,27**	185,60	18,00	578,00	51,28
NFR	81,83	3,78**	16,95	1,00	65,00	54,01
NFP	1.309,00	3,83**	67,99	4,00	258,00	54,21
PFR	449,34	7,36**	43,90	4,00	137,00	51,28
PSR	180,38	6,41**	26,13	1,66	116,36	56,68
PSP	2.630,00	3,24**	97,12	6,63	465,43	59,23
NSRP	2.209,00	6,54**	130,65	15,00	354,00	40,85
NSR	485,33	3,31**	44,06	2,99	196,93	55,84
NSP	7.689,00	3,35**	169,59	11,95	787,73	57,54
PROD	23.819,00	6,99**	1008,41	91,89	4.098,77	53,85
PFP	7.116,45	7,47**	176,98	15,98	712,83	52,29
TOS	143,74	14,5**	44,19	23,4	51,83	6,27

** , * Significativo a 1 % e 5% de probabilidade pelo teste F.

CR - Comprimento do racemo; CER - Comprimento efetivo do racemo; PRP - Peso do racemo por planta; NFR - Número de frutos por racemo; NFP - Número de frutos por planta; PFR - Peso dos frutos por racemo; PSR - Peso de sementes por racemo; PSP - Peso de sementes por planta; NSRP - Número de sementes do racemo primário; NSR - Número de sementes por racemo; NSP - Número de sementes por planta e PROD - Produtividade; PFP - Peso de Frutos por Plantas; TOS - Teor de Óleo nas Sementes.

O coeficiente de variação, apresentou valores com amplitude de 6,27% para teor de óleo nas sementes e 59,23% referente ao peso de sementes por plantas, valores equivalentes aos encontrados por Silva et al. (2019), em estudo de caracterização e desempenho da cultura. Para Silva et al. (2012), os coeficientes de variação obtidos no experimento, expressam a natureza poligênica dos caracteres, os quais sofrem influencia direta dos efeitos ambientais, e portanto variações diferenciadas de um genótipo ou tratamento para outro.

Dentre os caracteres agrônômicos, obteve-se uma variação de 7 a 56 cm para comprimento dos racemos, e de 1 a 65 unidades de frutos por racemo, conseqüentemente o número de sementes por racemos variou de 3 a 197

unidades, com peso entre 1,66 a 116,36 g, sendo estas características altamente correlacionadas, valores estes, próximos aos encontrados por Silva et al. (2019) e Passos et al. (2010), que alcançaram valores aproximados aos expostos.

A produtividade alcançou valor máximo de 4.098,77 kg.h⁻¹, com valor médio de 1006.85 kg.h⁻¹. Os resultados obtidos neste estudo são superiores ao mencionado pela CONAB para safra 2017/2018, com uma produtividade média para o estado da Bahia da ordem de 631 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2018). Pivetta et al. (2015), encontraram valores 1.970,2 kg.ha⁻¹, já Silva et al. (2019) alcançaram 1.436 kg.ha⁻¹. Silva Maykon et al. (2019), avaliando adubação orgânica para a cultivar BRS 188 Paraguaçu irrigada, com densidades de 3333 plantas.ha⁻¹, identificaram produtividade de 2.350 kg.ha⁻¹ a 3.250 kg.ha⁻¹.

Os resultados demonstram que os genótipos avaliados possuem variabilidade com possível seleção de constituições superiores na condução desta população para a obtenção de elevados ganhos genéticos para diversos descritores, sendo que a sua maioria apresenta caracteres desejáveis do ponto de vista agrônomo.

Na Tabela 3, foi possível observar que não houve diferença significativa entre os genótipos para os caracteres número de sementes por racemo e peso de sementes por planta, no entanto, para os demais houve diferença significativa.

Para comprimento do racemo e comprimento efetivo do racemo, o parental UFRB₃₂₃ foi superior a todos os outros. Já para o número de sementes por plantas observa-se que os genótipos oriundos da família F01 (UFRB₃₂₂ X UFRB₃₁₉), apresenta-se ligeiramente superior, embora não diferindo dos demais. Quanto ao peso de frutos por racemo o parental UFRB₃₁₉ supera os demais, embora apresente resultados equivalentes aos parentais UFRB₃₁₈, UFRB₃₁₇ e às famílias F05 (UFRB₃₂₁ x UFRB₃₂₂) e F03 (UFRB₃₂₂ X UFRB₃₂₃), com valores médios acima dos demais. O UFRB₃₂₁ juntamente com a F01, alcançaram valores superiores para o caráter número de frutos por racemo, destacando-se entre os demais. O peso de racemo por planta apresentou maior valor para o UFRB₃₁₉ que foi ligeiramente superior aos parentais UFRB₃₁₈ e UFRB₃₁₇ e as famílias F02 (UFRB₃₂₀ X UFRB₃₁₇), F03 e F05, sendo, desta forma, superiores a todos os outros.

Para o teor de óleo nas sementes, os parentais apresentam teores ligeiramente superiores às famílias avaliadas, destacando-se os parentais

UFRB₃₂₃ (47,40), UFRB₃₂₁ (46,48%), UFRB₃₁₇ (45,60) e família 05. Puttine (2014) avaliando cultivares de mamona com baixo e alto teor de óleo, constatou que em F1 essa característica expressa-se com valores intermediários. Moshkin (1986) afirma que em gerações subsequentes, a expressão para teor de óleo tem

Tabela 3. Medias referentes aos descritores: CR - Comprimento do racemo; CER - Comprimento efetivo do racemo; PRP - Peso do racemo por planta; NFR - Número de frutos por racemo; NFP - Número de frutos por planta; PFR - Peso dos frutos por racemo; PSR - Peso de sementes por racemo; PSP - Peso de sementes por planta; NSRP – Número de sementes do racemo primário; NSR - Número de sementes por racemo; NSP - Número de sementes por planta; PROD – Produtividade e TOS – Teor de óleo na sementes dos genótipos e parentais de mamoneira. Cruz das Almas-BA, 2018.

CARACTERES							
GEN	CR	CER	NSP	NSR	PFR	NFR	PRP
UFRB ₃₁₇	29.36b	22.29bc	191.65ab	50.41 a	54.22ab	19.79ab	227.51ab
UFRB ₃₁₈	18.55e	13.05g	140.13ab	37.62 a	43.35abc	14.22ab	184.35abc
F04	25.82c	19.79cd	154.31ab	39.53 a	33.25c	14.58ab	141.95c
F02	19.94e	14.45fg	182.63ab	46.95 a	54.72ab	17.33ab	229.92ab
UFRB ₃₂₁	23.47d	17.84e	204.22ab	52.50 a	36.78bc	20.92 a	154.41bc
UFRB ₃₂₃	31.54a	24.70a	177.68ab	46.28 a	35.18c	17.00ab	146.34c
F05	29.53b	23.34b	171.88ab	46.64 a	51.03abc	16.79ab	219.00abc
UFRB ₃₁₉	22.17de	18.81d	203.00ab	50.75 a	58.97 a	19.74ab	249.24 a
UFRB ₃₂₀	21.16de	15.75ef	133.36ab	33.34 a	35.31c	15.73ab	146.15c
F01	23.86d	17.68e	212.74a	53.19 a	34.04c	21.04 a	143.96c
F03	16.92d	11.12g	134.50ab	35.99 a	46.25abc	14.24ab	198.40abc
UFRB ₃₂₂	23.72d	13.04g	113.04b	31.87 a	38.06bc	11.52b	164.33bc
GEN	NSRP	PSR	PSP	NFP	PFP	PROD	TOS
UFRB ₃₁₇	160.07 a	30.80abc	117.88 a	79.99ab	218.52ab	1246.63ab	45.60abc
UFRB ₃₁₈	95.13cd	26.78abc	94.97 a	56.86ab	175.93abc	989.75abc	44.80cd
F04	132.45abcd	19.70c	75.93 a	58.31ab	134.08c	763.21c	44.96cd
F02	123.95abcd	33.09ab	114.72 a	69.70ab	219.44ab	1257.09ab	43.50e
UFRB ₃₂₁	153.77ab	22.47bc	88.66 a	83.69 a	147.13bc	846.00bc	46.48a
UFRB ₃₂₃	161.48 a	20.25c	77.35 a	67.99ab	141.94c	809.00c	47.40a
F05	143.29abc	29.33abc	111.31 a	67.16ab	204.13abc	1173.74abc	46.06ab
UFRB ₃₁₉	128.59abcd	33.97 a	120.71 a	78.97ab	236.49 a	1356.37a	44.52d
UFRB ₃₂₀	124.98abcd	20.61c	75.20 a	62.94ab	141.25c	812.20c	43.43e
F01	162.54 a	21.25c	85.14 a	84.15 a	136.17c	782.98c	45.31bcd

F03	96.47bcd	27.94abc	106.62 a	56.95ab	184.98abc	1063.65abc	43.17e
UFRB ₃₂₂	82.29d	23.53abc	87.59 a	46.09b	152.25bc	875.41bc	41.05f

Obs. Médias seguidas de letras maiúsculas iguais na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey, 1% de probabilidade

dependência poligênia, ou seja, os efeitos aditivos dos genes que intervêm na sua determinação provocam diferentes limiares de expressão. Confirmando as afirmações de Jellum et al. (1973), ao afirmar que o teor de óleo é mais dependente do material genético de que do ambiente.

O número de sementes do racemo primário revelou superioridade nos Parentais UFRB₃₁₇ e UFRB₃₂₃ e na família F01. Para peso de sementes do racemo e o peso de fruto por planta o parental UFRB₃₁₉ apresentou superioridade dentre os demais, destacando-se com os pesos de 33,97g e 236,49g, respectivamente. Embora o UFRB₃₂₁ e a família F01 revelarem-se superiores aos demais, apresentaram-se como equivalentes para o número de frutos por planta. Para a produtividade o parental UFRB₃₁₉ apesar de apresentar valores mais elevados, não diferem estatisticamente do UFRB₃₁₇ e da família híbrida F02, com valores da ordem de 1.356,37kg.ha⁻¹, 1.246,63kg.ha⁻¹ e 1.257,09kg.ha⁻¹. Os resultados demonstram a superioridade para algumas famílias híbridas, assim como para alguns parentais, os quais podem ser explorados, para a indicação daquelas constituições que agreguem um maior número de caracteres de interesse para o programa de melhoramento da cultura.

A análise de agrupamento revelou 68 grupos distintos, (Tabela 4). Sendo formado um grande grupo constituído por 155 genótipos, cinco grupos medianos constituídos de 14 a 54 genótipos e os demais grupos pequenos, formados por menos de 13 genótipos. No conjunto dos grupos pequenos, observa-se que 20 deles apresentou apenas um genótipo, indicando que tais genótipos são os mais divergentes em relação aos outros, não obstante, outros 17 grupos foram formados por apenas dois genótipos cada um, ressaltando a importância desses, quanto a dissimilaridade em comparação aos demais sendo estes genótipos possíveis alvos de seleção, por apresentarem-se distintos.

Os genótipos dentro de cada grupo apresentaram distância genética média inferior a 0,21, ou seja, a similaridade média dentro dos grupos foi superior a 0,79, permitindo-nos admitir que os grupos formados são homogêneos. O estabelecimento de agrupamentos com homogeneidade dentro dos grupos de genótipos e com heterogeneidade entre os grupos, podese o ponto de partida para uma avaliação minuciosa à seleção e indicação dos genótipos a serem utilizados nos programas de melhoramento.

Tabela 4. Agrupamentos de 490 genótipos e sete parentais, estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade genética, número de genótipos estabelecidos em cada grupo e a dissimilaridade genética média dentro de cada grupo.

Grupos	Genótipos	N° de genótipos	Dissimilaridade média intragrupo
01	UFRB ₃₆₈ UFRB ₃₆₉ UFRB ₃₅₆ UFRB ₃₅₇ UFRB ₃₇₁ UFRB ₆₂₅ UFRB ₆₂₂ UFRB ₆₂₃ UFRB ₃₃₇ UFRB ₅₃₁ UFRB ₅₁₉ UFRB ₃₃₀ UFRB ₆₅₀ UFRB ₃₃₂ UFRB ₅₈₆ UFRB ₅₄₄ UFRB ₅₂₁ UFRB ₅₃₅ UFRB ₅₂₆ UFRB ₅₂₅ UFRB ₅₂₀ UFRB ₆₄₉ UFRB ₄₃₁ UFRB ₅₂₃ UFRB ₅₂₉ UFRB ₄₃₃ UFRB ₄₂₄ UFRB ₄₃₄ UFRB ₇₃₉ UFRB ₆₅₃ UFRB ₅₂₈ UFRB ₅₃₃ UFRB ₆₅₈ UFRB ₃₂₇ UFRB ₆₄₁ UFRB ₄₄₈ UFRB ₄₄₉ UFRB ₆₃₅ UFRB ₆₃₆ UFRB ₄₃₂ UFRB ₆₄₈ UFRB ₆₃₂ UFRB ₄₂₇ UFRB ₄₅₀ UFRB ₄₈₄ UFRB ₃₈₃ UFRB ₃₈₂ UFRB ₆₄₂ UFRB ₆₅₄ UFRB ₄₄₆ UFRB ₄₂₉ UFRB ₄₂₅ UFRB ₄₈₃ UFRB ₄₈₀ UFRB ₆₃₃ UFRB ₆₄₃ UFRB ₆₃₄ UFRB ₆₅₆ UFRB ₄₄₄ UFRB ₇₄₉ UFRB ₄₃₇ UFRB ₄₄₇ UFRB ₆₃₈ UFRB ₄₈₂ UFRB ₃₂₂ UFRB ₄₈₁ UFRB ₄₂₆ UFRB ₆₆₅ UFRB ₄₃₆ UFRB ₄₄₁ UFRB ₆₃₁ UFRB ₄₈₇ UFRB ₄₈₅ UFRB ₄₁₆ UFRB ₇₂₁ UFRB ₆₆₀ UFRB ₆₆₁ UFRB ₄₄₃ UFRB ₆₆₃ UFRB ₆₃₇ UFRB ₆₆₇ UFRB ₄₄₂ UFRB ₇₄₈ UFRB ₄₄₅ UFRB ₃₁₈ UFRB ₃₂₆ UFRB ₃₃₆ UFRB ₇₃₀ UFRB ₆₄₀ UFRB ₄₇₉ UFRB ₇₂₄ UFRB ₇₁₉ UFRB ₇₀₆ UFRB ₄₈₆ UFRB ₇₁₈ UFRB ₇₂₀ UFRB ₇₁₅ UFRB ₇₁₆ UFRB ₇₂₇ UFRB ₇₁₃ UFRB ₇₃₁ UFRB ₇₂₃ UFRB ₆₇₇ UFRB ₆₈₃ UFRB ₇₁₂ UFRB ₃₈₉ UFRB ₇₂₂ UFRB ₇₁₁ UFRB ₃₂₃ UFRB ₆₇₀ UFRB ₄₉₅ UFRB ₇₃₂ UFRB ₆₈₁ UFRB ₆₈₂ UFRB ₆₇₄ UFRB ₆₈₆ UFRB ₆₇₅ UFRB ₆₇₆ UFRB ₇₁₇ UFRB ₄₉₀ UFRB ₆₇₂ UFRB ₆₇₈ UFRB ₇₂₈ UFRB ₆₆₈ UFRB ₄₅₂ UFRB ₄₆₂ UFRB ₄₆₅ UFRB ₄₆₆ UFRB ₄₆₇ UFRB ₆₆₉ UFRB ₇₂₉ UFRB ₃₇₆ UFRB ₆₆₂ UFRB ₆₆₄ UFRB ₇₂₅ UFRB ₇₂₆ UFRB ₄₇₈ UFRB ₆₇₉ UFRB ₆₆₉ UFRB ₄₉₄ UFRB ₆₈₅ UFRB ₆₄₄ UFRB ₄₇₄ UFRB ₆₄₅ UFRB ₆₈₈ UFRB ₇₀₇ UFRB ₇₀₃ UFRB ₄₇₇ UFRB ₇₀₈ UFRB ₇₀₅ UFRB ₄₆₄ UFRB ₄₈₉ UFRB ₇₀₉ UFRB ₄₇₁ UFRB ₄₆₁ UFRB ₄₆₈ UFRB ₄₃₉ UFRB ₄₄₀ UFRB ₄₃₈ UFRB ₆₃₉ UFRB ₄₅₁ UFRB ₈₀₀ UFRB ₃₉₀ UFRB ₄₉₆ UFRB ₇₀₀ UFRB ₇₀₄ UFRB ₅₀₂ UFRB ₄₉₂ UFRB ₅₀₅ UFRB ₄₉₇ UFRB ₄₉₉ UFRB ₄₉₈ UFRB ₅₁₀ UFRB ₅₀₁ UFRB ₅₀₈ UFRB ₅₀₀ UFRB ₅₀₃ UFRB ₄₉₃ UFRB ₅₀₉ UFRB ₅₀₄ UFRB ₅₀₇ UFRB ₆₉₆ UFRB ₄₇₀ UFRB ₄₅₄ UFRB ₄₅₉ UFRB ₄₇₃ UFRB ₄₇₆ UFRB ₄₆₀ UFRB ₄₅₆ UFRB ₆₇₃ UFRB ₅₁₂ UFRB ₄₅₃ UFRB ₄₅₅ UFRB ₆₈₀ UFRB ₆₈₄ UFRB ₄₆₃ UFRB ₄₇₂ UFRB ₄₇₅ UFRB ₄₅₈ UFRB ₄₅₇ UFRB ₅₁₆ UFRB ₅₁₄ UFRB ₅₁₇ UFRB ₅₁₅ UFRB ₆₉₉	155	0,21
02	UFRB ₄₃₉ UFRB ₄₄₀ UFRB ₄₃₈ UFRB ₆₃₉ UFRB ₄₅₁ UFRB ₈₀₀ UFRB ₃₉₀ UFRB ₄₉₆ UFRB ₇₀₀ UFRB ₇₀₄ UFRB ₅₀₂ UFRB ₄₉₂ UFRB ₅₀₅ UFRB ₄₉₇ UFRB ₄₉₉ UFRB ₄₉₈ UFRB ₅₁₀ UFRB ₅₀₁ UFRB ₅₀₈ UFRB ₅₀₀ UFRB ₅₀₃ UFRB ₄₉₃ UFRB ₅₀₉ UFRB ₅₀₄ UFRB ₅₀₇ UFRB ₆₉₆ UFRB ₄₇₀ UFRB ₄₅₄ UFRB ₄₅₉ UFRB ₄₇₃ UFRB ₄₇₆ UFRB ₄₆₀ UFRB ₄₅₆ UFRB ₆₇₃ UFRB ₅₁₂ UFRB ₄₅₃ UFRB ₄₅₅ UFRB ₆₈₀ UFRB ₆₈₄ UFRB ₄₆₃ UFRB ₄₇₂ UFRB ₄₇₅ UFRB ₄₅₈ UFRB ₄₅₇ UFRB ₅₁₆ UFRB ₅₁₄ UFRB ₅₁₇ UFRB ₅₁₅ UFRB ₆₉₉	54	0,19
03	UFRB ₈₀₅ UFRB ₈₀₆ UFRB ₈₁₀ UFRB ₈₁₂ UFRB ₈₀₇ UFRB ₈₀₈ UFRB ₈₁₃ UFRB ₈₀₉ UFRB ₇₈₂ UFRB ₇₉₃ UFRB ₇₉₂ UFRB ₈₀₃ UFRB ₈₁₁ UFRB ₇₄₇ UFRB ₇₈₃ UFRB ₇₉₆ UFRB ₇₈₆ UFRB ₇₈₄ UFRB ₇₉₇ UFRB ₃₂₁ UFRB ₇₄₅ UFRB ₇₉₄ UFRB ₇₆₀ UFRB ₇₆₁ UFRB ₇₄₂ UFRB ₇₅₅ UFRB ₇₄₄ UFRB ₇₅₆ UFRB ₇₅₇ UFRB ₇₅₄ UFRB ₇₄₆ UFRB ₇₅₉ UFRB ₇₅₈	33	0,20
04	UFRB ₅₈₀ UFRB ₅₉₆ UFRB ₅₉₉ UFRB ₆₀₀ UFRB ₅₇₇ UFRB ₅₇₆ UFRB ₅₄₃ UFRB ₅₇₉ UFRB ₅₇₈ UFRB ₅₈₁ UFRB ₅₈₈ UFRB ₅₉₀ UFRB ₅₈₄ UFRB ₅₉₂ UFRB ₅₈₇ UFRB ₅₈₉ UFRB ₅₉₅ UFRB ₈₀₂ UFRB ₃₅₂ UFRB ₅₉₁ UFRB ₆₉₁ UFRB ₄₀₉ UFRB ₆₆₆ UFRB ₄₀₃ UFRB ₆₉₅ UFRB ₆₉₃ UFRB ₇₀₁	26	0,19
05	UFRB ₆₂₄ UFRB ₆₂₉ UFRB ₆₂₈ UFRB ₆₂₇ UFRB ₆₁₇ UFRB ₃₈₈ UFRB ₆₁₈ UFRB ₆₂₆	8	0,19
06	UFRB ₆₈₇ UFRB ₆₉₂ UFRB ₆₉₄ UFRB ₆₉₀ UFRB ₆₈₉ UFRB ₇₈₁ UFRB ₆₅₉ UFRB ₃₉₄ UFRB ₄₀₆ UFRB ₃₉₈ UFRB ₃₉₅ UFRB ₄₀₁ UFRB ₄₀₀ UFRB ₇₁₄	14	0,13
07	UFRB ₇₆₈ UFRB ₇₆₉ UFRB ₇₇₀ UFRB ₇₇₂ UFRB ₇₇₈ UFRB ₇₆₆ UFRB ₇₇₆ UFRB ₇₇₇ UFRB ₇₆₃ UFRB ₇₆₂ UFRB ₇₆₇ UFRB ₇₇₅ UFRB ₇₆₄ UFRB ₇₇₁ UFRB ₇₇₃ UFRB ₇₆₅	16	0,18
08	UFRB ₇₈₇ UFRB ₇₈₈ UFRB ₅₁₈ UFRB ₇₉₀ UFRB ₇₈₉ UFRB ₇₉₁ UFRB ₆₀₈ UFRB ₇₉₅	8	0,17
09	UFRB ₃₅₈ UFRB ₃₆₂ UFRB ₃₅₉ UFRB ₃₇₂ UFRB ₃₆₆ UFRB ₃₆₃ UFRB ₃₆₅ UFRB ₅₉₃ UFRB ₃₆₁ UFRB ₃₅₄ UFRB ₃₇₀ UFRB ₃₅₅ UFRB ₃₆₀ UFRB ₃₂₈	14	0,19
10	UFRB ₃₈₀ UFRB ₆₇₁ UFRB ₃₇₅ UFRB ₃₇₄ UFRB ₃₉₇ UFRB ₃₈₁ UFRB ₃₉₁ UFRB ₄₁₁ UFRB ₃₉₉ UFRB ₃₇₃ UFRB ₄₀₂ UFRB ₄₂₂ UFRB ₄₁₉	13	0,18
11	UFRB ₅₃₇ UFRB ₅₄₇ UFRB ₃₂₄ UFRB ₅₄₁ UFRB ₇₃₇ UFRB ₆₅₅ UFRB ₃₂₉ UFRB ₃₄₅ UFRB ₅₄₅ UFRB ₃₄₂ UFRB ₃₃₉ UFRB ₃₃₈ UFRB ₃₄₁	13	0,16
12	UFRB ₅₅₄ UFRB ₅₅₅ UFRB ₅₅₆ UFRB ₅₅₂ UFRB ₅₅₃ UFRB ₅₆₃ UFRB ₅₅₁	7	0,18

13	UFRB377 UFRB378 UFRB619 UFRB412 UFRB414 UFRB404	6	0,15
14	UFRB549 UFRB550 UFRB548	3	
15	UFRB558 UFRB561 UFRB565 UFRB560 UFRB571 UFRB564	6	0,16
16	UFRB559 UFRB562 UFRB569 UFRB570 UFRB568	5	0,19
17	UFRB613 UFRB620 UFRB605 UFRB607 UFRB610 UFRB698 UFRB702 UFRB621	7	0,19
18	UFRB734 UFRB736 UFRB527 UFRB750 UFRB522 UFRB524 UFRB540	6	0,20
19	UFRB325 UFRB335 UFRB331 UFRB334 UFRB343 UFRB344	4	0,17
20	UFRB353 UFRB367 UFRB542 UFRB386	4	0,18
21	UFRB384 UFRB387 UFRB413 UFRB410	2	0,11
22	UFRB435 UFRB741	2	0,11
23	UFRB573 UFRB574	7	0,19
24	UFRB606 UFRB611 UFRB604 UFRB710	5	0,19
25	UFRB743 UFRB753 UFRB735 UFRB733 UFRB738	3	0,18
26	UFRB779 UFRB780 UFRB614	4	0,19
27	UFRB320 UFRB539 UFRB601 UFRB630 UFRB597	5	0,19
28	UFRB379 UFRB612 UFRB774 UFRB697	3	0,15
29	UFRB647 UFRB652 UFRB657	3	0,17
30	UFRB651 UFRB751 UFRB557	3	0,14
31	UFRB340 UFRB347	3	0,19
32	UFRB393 UFRB396	2	0,17
33	UFRB418 UFRB615 UFRB546	2	0,17
34	UFRB423 UFRB603	3	0,20
35	UFRB491 UFRB511	2	0,17
36	UFRB567 UFRB572	2	0,17
37	UFRB319 UFRB348 UFRB349	3	0,20
38	UFRB364 UFRB575	2	0,20
39	UFRB385 UFRB392	2	0,20
40	UFRB428 UFRB430 UFRB646	2	0,20
41	UFRB566 UFRB582	2	0,20
42	UFRB333 UFRB602	2	0,20
43	UFRB408 UFRB417	2	0,22
44	UFRB415 UFRB740	2	0,22
45	UFRB420 UFRB421	2	0,22
46	UFRB506 UFRB804	2	0,22
47	UFRB532 UFRB534	2	0,22
48	UFRB583 UFRB801	2	0,22
49 a 68	UFRB585, UFRB798 UFRB538 UFRB350 UFRB799 UFRB317 UFRB405 UFRB488 UFRB598 UFRB752 UFRB351 UFRB513 UFRB530 UFRB346 UFRB594 UFRB785 UFRB407 UFRB616 UFRB536 UFRB609	1	

Obs. Família híbrida F01: UFRB₆₃₀ a UFRB₇₃₂; F06: UFRB₅₁₉ a UFRB₆₂₉; F12:UFRB₄₂₄ a UFRB₅₁₈; F16: UFRB₃₂₄ a UFRB₄₂₃; e F17:UFRB₇₃₃ a UFRB₈₁₃. Parentais: UFRB₃₁₈; UFRB₃₁₇; UFRB₃₂₁; UFRB₃₂₂; UFRB₃₂₃; UFRB₃₁₉ e UFRB₃₂₀

Os resultados apontam para a possibilidade de acessar genótipos pertencentes a grupos divergentes, que poderão ser avaliados quanto a caracteres de interesse, conforme apresentado na Tabela 5, e com possibilidades de seleção para composição de um grupo seletivo de genótipos a serem utilizados no programa de melhoramento da espécie.

Tabela 5. Classificação para oito características de interesse agrônomo de genótipos e parentais de mamoneira do ensaio experimental conduzindo pelo NBIO/UFRB. Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

Estatura de Plantas (EP) - Muito Baixa (<100 cm)									
UFRB325	UFRB367	UFRB421	UFRB520	UFRB549	UFRB573	UFRB596	UFRB627	UFRB711	UFRB758
UFRB330	UFRB368	UFRB424	UFRB521	UFRB550	UFRB574	UFRB598	UFRB629	UFRB717	UFRB761
UFRB331	UFRB369	UFRB429	UFRB522	UFRB552	UFRB575	UFRB599	UFRB632	UFRB728	UFRB765
UFRB332	UFRB379	UFRB431	UFRB523	UFRB553	UFRB576	UFRB600	UFRB640	UFRB729	UFRB767
UFRB334	UFRB388	UFRB433	UFRB525	UFRB554	UFRB577	UFRB601	UFRB649	UFRB730	UFRB771
UFRB335	UFRB389	UFRB434	UFRB526	UFRB555	UFRB578	UFRB604	UFRB650	UFRB732	UFRB773
UFRB336	UFRB391	UFRB442	UFRB527	UFRB556	UFRB579	UFRB606	UFRB651	UFRB733	UFRB774
UFRB337	UFRB399	UFRB443	UFRB528	UFRB557	UFRB580	UFRB611	UFRB653	UFRB734	UFRB779
UFRB339	UFRB403	UFRB445	UFRB529	UFRB559	UFRB581	UFRB612	UFRB687	UFRB736	UFRB780
UFRB340	UFRB404	UFRB452	UFRB530	UFRB560	UFRB584	UFRB614	UFRB691	UFRB740	UFRB790
UFRB344	UFRB405	UFRB453	UFRB531	UFRB562	UFRB586	UFRB615	UFRB693	UFRB746	UFRB792
UFRB345	UFRB407	UFRB455	UFRB535	UFRB563	UFRB587	UFRB618	UFRB695	UFRB750	UFRB801
UFRB347	UFRB408	UFRB458	UFRB536	UFRB568	UFRB588	UFRB622	UFRB697	UFRB752	UFRB802
UFRB353	UFRB409	UFRB488	UFRB540	UFRB569	UFRB589	UFRB623	UFRB705	UFRB754	UFRB805
UFRB356	UFRB413	UFRB504	UFRB543	UFRB570	UFRB590	UFRB624	UFRB709	UFRB755	UFRB806
UFRB364	UFRB418	UFRB519	UFRB544	UFRB571	UFRB595	UFRB625	UFRB710	UFRB756	
Inserção do racemo primário (IRP) – Baixa (< 50cm)									
UFRB551	UFRB565	UFRB614	UFRB651	UFRB779	UFRB794	UFRB563	UFRB789		
UFRB553	UFRB571	UFRB617	UFRB726	UFRB780	UFRB775	UFRB561	UFRB564		
UFRB559	UFRB572	UFRB624	UFRB765	UFRB784	UFRB629	UFRB574	UFRB773		
UFRB560	UFRB573	UFRB627	UFRB771	UFRB785	UFRB588	UFRB628			
Florescimento (FLO) – Médio (31 a 60 dias)									
UFRB319	UFRB522	UFRB528	UFRB530	UFRB653	UFRB520	UFRB527	UFRB529	UFRB652	UFRB783
Deiscência dos frutos (DEF) - Indeicente									
UFRB318	UFRB346	UFRB364	UFRB522	UFRB543	UFRB566	UFRB582	UFRB600	UFRB664	UFRB744
UFRB319	UFRB348	UFRB365	UFRB524	UFRB551	UFRB567	UFRB583	UFRB630	UFRB665	UFRB745
UFRB322	UFRB350	UFRB366	UFRB525	UFRB552	UFRB568	UFRB584	UFRB635	UFRB666	UFRB746
UFRB324	UFRB351	UFRB367	UFRB526	UFRB553	UFRB569	UFRB585	UFRB637	UFRB667	UFRB748
UFRB325	UFRB352	UFRB368	UFRB529	UFRB554	UFRB570	UFRB586	UFRB638	UFRB668	UFRB750
UFRB326	UFRB353	UFRB369	UFRB530	UFRB555	UFRB571	UFRB587	UFRB646	UFRB733	UFRB751
UFRB327	UFRB354	UFRB370	UFRB531	UFRB556	UFRB572	UFRB588	UFRB647	UFRB734	UFRB752
UFRB328	UFRB355	UFRB371	UFRB532	UFRB557	UFRB573	UFRB589	UFRB649	UFRB735	UFRB753
UFRB330	UFRB356	UFRB372	UFRB533	UFRB558	UFRB574	UFRB590	UFRB651	UFRB736	UFRB754
UFRB331	UFRB357	UFRB424	UFRB534	UFRB559	UFRB575	UFRB591	UFRB652	UFRB737	UFRB755
Número de racemos colhidos (NRC) - Alto									
UFRB438	UFRB647	UFRB655	UFRB680	UFRB700	UFRB733	UFRB515	UFRB654	UFRB668	UFRB707
UFRB513	UFRB652	UFRB657	UFRB684	UFRB704	UFRB735	UFRB585	UFRB799	UFRB699	
Arquitetura de planta (AQP) - Ereta									
UFRB317	UFRB325	UFRB344	UFRB382	UFRB433	UFRB509	UFRB535	UFRB558	UFRB586	UFRB648
UFRB318	UFRB326	UFRB345	UFRB383	UFRB434	UFRB511	UFRB537	UFRB559	UFRB587	UFRB649
UFRB319	UFRB327	UFRB346	UFRB384	UFRB435	UFRB519	UFRB538	UFRB560	UFRB588	UFRB650
UFRB321	UFRB328	UFRB347	UFRB386	UFRB437	UFRB520	UFRB540	UFRB562	UFRB589	UFRB651
UFRB324	UFRB329	UFRB348	UFRB388	UFRB438	UFRB521	UFRB542	UFRB563	UFRB590	UFRB653
UFRB801	UFRB330	UFRB349	UFRB391	UFRB439	UFRB522	UFRB543	UFRB566	UFRB592	UFRB658
UFRB802	UFRB331	UFRB350	UFRB394	UFRB440	UFRB523	UFRB544	UFRB569	UFRB595	UFRB666
UFRB734	UFRB332	UFRB352	UFRB396	UFRB442	UFRB524	UFRB545	UFRB570	UFRB600	UFRB674
UFRB736	UFRB334	UFRB353	UFRB405	UFRB443	UFRB525	UFRB546	UFRB571	UFRB615	UFRB697
UFRB636	UFRB335	UFRB356	UFRB411	UFRB445	UFRB526	UFRB547	UFRB573	UFRB622	UFRB701
UFRB641	UFRB336	UFRB363	UFRB412	UFRB448	UFRB527	UFRB548	UFRB574	UFRB624	UFRB705
UFRB583	UFRB337	UFRB366	UFRB418	UFRB449	UFRB528	UFRB549	UFRB576	UFRB629	UFRB709
UFRB584	UFRB339	UFRB368	UFRB421	UFRB450	UFRB529	UFRB550	UFRB577	UFRB632	UFRB710
Rendimento de Semente por fruto (RSF) - Alto									
UFRB336	UFRB344	UFRB429	UFRB537	UFRB652	UFRB737	UFRB798			
Peso de 100 sementes a 9% de umidade (P100) – Alto									
UFRB317	UFRB378	UFRB535	UFRB584	UFRB624	UFRB744	UFRB757	UFRB767	UFRB778	UFRB791
UFRB321	UFRB379	UFRB540	UFRB587	UFRB629	UFRB745	UFRB758	UFRB768	UFRB779	UFRB792
UFRB338	UFRB418	UFRB559	UFRB591	UFRB651	UFRB746	UFRB759	UFRB769	UFRB780	UFRB793
UFRB341	UFRB435	UFRB562	UFRB592	UFRB717	UFRB747	UFRB760	UFRB770	UFRB781	UFRB794
UFRB347	UFRB486	UFRB564	UFRB595	UFRB735	UFRB750	UFRB761	UFRB771	UFRB782	UFRB796
UFRB377	UFRB519	UFRB574	UFRB603	UFRB736	UFRB752	UFRB762	UFRB772	UFRB783	UFRB797
UFRB803	UFRB521	UFRB579	UFRB604	UFRB738	UFRB753	UFRB763	UFRB773	UFRB784	UFRB798
UFRB805	UFRB522	UFRB581	UFRB614	UFRB741	UFRB754	UFRB764	UFRB775	UFRB786	UFRB799
UFRB806	UFRB524	UFRB582	UFRB615	UFRB742	UFRB755	UFRB765	UFRB776	UFRB789	UFRB801
UFRB807	UFRB526	UFRB583	UFRB622	UFRB743	UFRB756	UFRB766	UFRB777	UFRB790	UFRB802
UFRB808	UFRB809	UFRB810	UFRB811	UFRB812	UFRB813				

*Família Híbrida Obs. Família híbrida F01: UFRB₆₃₀ a UFRB₇₃₂; F06: UFRB₅₁₉ a UFRB₆₂₉; F12:UFRB₄₂₄ a UFRB₅₁₈; F16: UFRB₃₂₄ a UFRB₄₂₃; e F17:UFRB₇₃₃ a UFRB₈₁₃. Parentais: UFRB₃₁₈; UFRB₃₁₇; UFRB₃₂₁; UFRB₃₂₂; UFRB; UFRB₃₁₉ e UFRB₃₂₀

CONCLUSÕES

Dentre os descritores utilizados 62% apresentaram valores de médio a alto para variabilidade, destacando-se: peso de cem sementes, forma do racemo, arquitetura de plantas e coloração principal das sementes, com entropia acima de 1,0, resultados, possivelmente revelados por ser uma população (F₂) em início de segregação.

O NSR e PSP não foram eficientes na determinação de diferenças entre os genótipos avaliados.

Os descritores forma capazes de revelar dissimilaridade entre os genótipos, possibilitando a formação de 68 grupos com maior similaridade, resultado esperado para uma população em segregação inicial.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABHILASHA S., A. K. GUPTA, SOUGATA S., R.K., ANJU Y. PANKHURI GUPTA, C. S. CHANOTIYA. (2018). Genetic and chemotypic variability in basil (*Ocimum basilicum L.*). Germplasm towards future exploitation. Industrial Crops and Products. **Elsevier**. February.

ALVES, GIBRAN DA SILVA et al. (2015). Densidade populacional e seu efeito na produtividade da mamoneira BRS Energia sob cultivo irrigado. **Rev. Ciênc. Agron.** [online]. ol.46, n.3 [cited 2020-03-09], pp.546-554. Available from: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902015000300546&lng=en&nrm=iso>. ISSN 0045-6888. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150037>.

ANDREAZI, E.; SERA, G. H.; FARIA, R. T.; SERA, T.; SHIGUEOKA, L. H.; CARVALHO, F. G.; CARDUCCI, F. C. (2017). Ciclo precoce de maturação e produtividade em genótipos de Café de C1195-5-6-2. **Coffee Science**, Lavras, v. 12, n. 4, p. 575 - 582, out./dez.

ANJANI K. (2012). Castor genetic resources: A primary gene pool for exploitation. Industrial crops and products. **Elsevier**.35: 1-14.

AZEVEDO, D. M. P. De et al. (1997). **Recomendação técnica para o cultivo da mamoneira (*Ricinus communis L.*) no Nordeste do Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão. 51 p. (Embrapa Algodão. Circular Técnica, 25).

AZEVEDO, D. M. P. de; LIMA, E. F. (2001). **O Agronegócio da Mamona no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. 350 p.

AZEVEDO, D.M.P.; BELTRÃO, N. E. de M. (Ed.). (2007). **O agronegócio da mamona no Brasil**. 2.ed. Campina Grande: Embrapa Algodão. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 506p.

BELTRÃO, N. E. de M.; CARDOSO, G. D. (2004). **Informações sobre os sistemas de produção utilizados na ricinocultura na região nordeste, em especial o semi-árido e outros aspectos ligados a sua cadeia.** Campina Grande: Embrapa Algodão. 5 p. (Embrapa Algodão. Comunicado Técnico, 213).

BELTRÃO, N. E. de M.; PEREIRA, S. R. de P. I.; SOARES, J. J. V. & SILVA, O. R. F. (2006). **O Cultivo Sustentável da Mamona no Semi-Árido Brasileiro.** Embrapa Algodão. Cartilha, 1. Campina Grande, 2006 62p.

BELTRÃO, N. E. de M.; ROCHA, P.; MOTA, J. R.; SEVERINO, L. S.; CARDOSO, G. D.; SILVA, G. A. da; QUEIROZ, U. C. de. (2004). Segmentos do agronegócio da mamona. I. Diagnóstico da ricinocultura da região de Irecê, estado da Bahia. In: I Congresso Brasileiro de Mamona: energia e sustentabilidade, I, Campina Grande - PB: **Anais**, CD-Rom.

BELTRÃO, N. E. de M.; SILVA, L. C. (1999). **Os Múltiplos usos do óleo da mamoneira (*Ricinus communis L.*) e a importância do seu cultivo no Brasil.** Fibras e Óleos, Campina Grande, n. 31, p. 7.

BELTRÃO, N. E. de M.; SILVA, L. C.; MELO, F. B. (Ed.). (2002). **Cultivo da mamona (*Ricinus communis L.*) para o semi-árido nordestino em especial do Piauí.** Campina Grande: Embrapa Algodão; Teresina: Embrapa Meio Norte. 44 p. (Embrapa Algodão. Documentos, 97).

BERTAGNOLLI, P. F. (1992). **Análise genética de caracteres adaptativos em aveia (*Avena sativa L.*).** 1992. 114f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Agronomia, UFRGS, Porto Alegre.

BIANCHI, M. A.; FLECK, N. G.; DILLENBURG, L. R. (2006). Partição da competição por recursos do solo e radiação solar entre cultivares de soja e genótipos concorrentes. **Planta Daninha**, v. 24, n. 4, p. 629- 639.

BIZINOTO, T. K. M. C.; OLIVEIRA, E.G. de MARTINS, S. B.; SOUZA, S. Â. de; GOTARDO, M. (2010). **Cultivo da mamoneira influenciada por diferentes populações de plantas.** *Bragantia* [online]. Vol.69, n.2, pp.367-370. ISSN 0006-8705. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000200014>. Acessado em: 15/05/2019.

BRIDLE, P.; TIMBERLAKE, C. F. (1997). Anthocyanins as natural food colours – selected aspects. **Food Chemistry**, v.58, n.1-2, p.103-109.

CLAASSEN, C. E.; HOFFMAN, A. (1949). The inheritance of the pistillate character in castors and its possible utilization in the production of commercial hybrid seed. **Agronomy Journal**, v.42, p.79-82.

CLIMATEMPO. **Dados meteorológicos.** Disponível em: <<https://www.climatempo.com.br/climatologia/901/cruzasalmas-ba>>. Acessado em: 15/05/2019.

CONAB - **ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA**. V. 5 - SAFRA 2017/18- N. 7 - Sétimo levantamento/abril 2018. Disponível em: file:///D:/Gean/Arquivos/Downloads/BoletimZGraosZabrilZ2018.pdf. Acessado em 18/05/2019.

COSTA, A. G. F.; SOARES, D. J.; ALBUQUERQUE, F. A. de; ANDRADE, F. P. de; FERREIRA, G. B.; FREITAS, J. G.; ZONTA, J. H.; SEVERINO, L. S.; MILANI, M.; SILVA, O. R. R. F.; GONDIM, T. M. de S.; SOFIATTI, V.; CARTAXO, W. V. (2014). Cultivo da Mamoneira. **Circular técnico 136**. Campina Grande, PB Julho.

CRESTANI H. M.; SILVA, J. A. G. ; SOUZA, C. A.; COSTA O A.; LUCHE, H. S.; ZIMMER, C. M.; HAWERROTH, F. J.; SCHIAVO, J.; SPONCHIADO, J. C. (2015). Redução do acamamento em aveia-branca com uso do regulador de crescimento etil-trinexapac. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (Online), v. 50, p. 115-125. Acessado em 18/05/2019.

CRISÓSTOMO, J. R.; SAMPAIO, H. S. V. (1975). Mamona: aspectos importantes para a produção de sementes selecionadas no Estado da Bahia. Salvador: EMBRAPA - Representação no Estado da Bahia. 10 p. (EMBRAPA - Representação do Estado da Bahia. **Comunicado Técnico**, 13).

Cruz, C.D. Programa Genes: **Análise multivariada e simulação**. Editora UFV. Viçosa (MG). 175p. 2006.

Cruz, C.D. Programa Genes: **Diversidade Genética**. Editora UFV. Viçosa (MG). 278p. 2008.

DEVIDE, A. C. P.; CASTRO, C. M.; CARVALHO, C. L. (2019). Manejo semiperene de mamona em duas densidades de plantação safrinha. **Revista Brasileira de Energia Renováveis**, v. 8, p. 29.

ELLEGREN, H.; GALTIER, N. (2016). Determinantes da diversidade genética. **Nature**, v. 17, n. 7, p. 422-433.

EMBRAPA ALGODÃO. (2007). **Mamona BRS Energia. Campina Grande**. Folder.

FEDERIZZI, L. C.; QUALSET, C. O. (1989). Genetics of plant height reduction and panicle type in oat. **Crop Science**, Madison, v.29, p.551-557.

FIOREZE, S. L.; LARA-FIOREZE, A. C. C.; PIVETTA, RODRIGUES, L. G.; ZANOTTO, M. D. (2016). Características agronômicas da mamoneira afetadas pelo método de condução de plantas e densidade de semeadura. **Revista Ciência Agronômica** (UFC. Online), v. 47, p. 86-92, 2016. Acessado em 10/05/2019.

FREIRE, E. C.; LIMA, E. F.; ANDRADE, F. P.; MILANI, M; NÓBREGA, M. B. M. Melhoramento Genético. (2007). In: AZEVEDO, D.M.P.; BELTRÃO, N. E. M. (Ed.). O Agronegócio da mamona no Brasil. 2.ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2007. p.169-194.

FREITAS, C. A. S. DE, BEZERRA, F. M. L.; SILVA, A. R. A. DA; PEREIRA FILHO, J. V.; FEITOSA, D. R. C. (2010). Comportamento de cultivares de mamona em níveis de irrigação por gotejamento em Pentecoste, CE. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.14, p.1059-1066, 2010.

GEETHA, A.; SHANKAR, G. G. & P, B. (2019). Variability of physiological and yield parameters of castor genotypes under rainfed conditions. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**. 8(1): 197-199.

GONDIM, T. M. S.; BELTRÃO, N. E. M.; PEREIRA, W. E.; OLIVEIRA, A. P.; FILHO, J. L. S. (2014). Plasticidade fenotípica da mamoneira precoce sob diferentes arranjos espaciais em consórcio com feijão caupi. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 45, n. 1, p. 128-137.

GURGEL, JOSE THEOPHILO DO AMARAL. (1945). **Estudos sobre a mamoneira (ricinus communis L.)**. 1945.Universidade de São Paulo, Piracicab.

<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/921268>. Acessado em: 15/05/2019.

ICHIRO T.; NAOMICHI K.; SUZUKI S.O.; AKEMI ITAYA, N. T. (2018). Divergência morfológica e genética entre duas linhagens de magnolia salicifolia (magnoliaceae) no japão, **Revista Biológica da Sociedade Lineana**, Volume 125, Issue 3, novembro; 2018, Pages 475–490, <https://doi.org/10.1093/biolinnean/bly139>.

KAPIL, R. N. & BHATNAGAR, A. K. (1994). The contribution of embryology to the systematics of the Euphorbiaceae. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 81:145-159.

LAVANYA C.; VISHNUVARDHAN R. A.; DUTTA B., BANDOPADHYAY R. (2018). Genetics Classical, Cytogenetics, and Traditional Breeding in Castor Bean. In: Kole C., Rabinowicz P. (eds) *The Castor Bean Genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham.

LEDO, C. A da S.; TAVARES FILHO, L. F.de Q.; OLIVEIRA, M. M de.; SILVEIRA, T.C da.; SANTOS, A. S.; ALVES, A. A. C.; GONÇALVES, L. S. A. (2009). Análise de agrupamento utilizando variáveis quantitativas e qualitativas para o estudo da diversidade genética em genótipos de mandioca silvestre. XIII Congresso Brasileiro de Mandioca. **Anais....** Botucatu, SP, 591-595.

LEDO, C. A. S.; ALVES, A. A. C.; SILVEIRA, T. C.; OLIVEIRA, M. M.; SANTOS, A. S.; TAVARES FILHO, L. F. Q. (2011). **Caracterização morfológica da coleção de espécies silvestres de Manihot (Euphorbiaceae - Magnoliophyta) da Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura.

LIMA, R. de L. S. de.; SEVERINO, L. S.; FERREIRA, G. B.; SOFIATTI, V.; SAMPAIO, L. R. e BELTRÃO, N. E. de M. (2011). Casca de mamona associada a quatro fontes de matéria orgânica para a produção de mudas de

pinhão-manso. **Rev. Ceres** (Impr.). Viçosa , v. 58, n. 2, p. 232-237, Apr. 2011. Available from <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-737X2011000200015&lng=en&nrm=iso>. acesso em 09 Junho 2019.

LIMA, ROSIVALDO SANTANA de. (2016). Descritores morfoagronômicos e divergência genética entre genótipos de tabaco da variedade Bahia no Recôncavo Baiano. Rosivaldo Santana de Lima. **Dissertação mestrado**. Cruz das Almas, BA. 71f.; il.

LISCI, M., BIANCHINI, M. & PACINI, E. (1996). Structure and function of elaiosome in some Angiosperm species. *Flora* 191:131-141.

LIU, J. H.; GUO H, et al. (2019). The Conserved and Unique Genetic Architecture of Kernel Size and Weight in Maize and Rice. **Plant Physiol.** 2017;175(2):774–785. doi:10.1104/pp.17.00708. Disponível em: <http://www.plantphysiol.org/content/175/2/774>. Acessado em: 10 de maio de 2019.

LIU, S.; ZHANG, Z.; QI, L.; MA. M. (2014). A fractal image encoding method based on statistical loss used in agricultural image compression. *Multimed Tools Appl* 1–12.

LOPES, T. J.; XAVIER, M. F.; N.; B. (2007). Antocianinas: uma breve revisão das características estruturais e da estabilidade. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 13, p. 291-297.

LUCENA, A. M. A.; BRITO, G. G.; OLIVEIRA, M. I. P.; ALBUQUERQUE, F. A. (2011). **Ecofisiologia da Mamoneira (*Ricinus communis* L.)**. In: Napoleão Esberard de Macêdo Beltrão; Maria Isaura Pereira de Oliveira; Giovani Greigh de Brito. (Org.). (Org.). ECOFISIOLOGIA DAS CULTURAS PESQUISADAS PELA EMBRAPA ALGODÃO. 1ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, v, p. 123-183.

LUCENA, A. M. A.; SEVERINO, L. S.; BELTRÃO, N. E. de M.; SOFIATTI, V.; BORTOLUZI, C. R. D. (2008). Estudo do processo de maturação da mamoneira III: secagem e deiscência dos frutos. In: III Congresso Brasileiro de Mamona: Energia e Ricinoquímica. Salvador - BA. **Anais...** do III Congresso Brasileiro de Mamona: Energia e Ricinoquímica.

MARCOS FILHO, J. (2005). Fisiologia de sementes de plantas cultivadas. Piracicaba: Fealq, p. 495.

MARIOT, M. P.; SERENO, M. J. C. M.; FEDERIZZI, L. C.; CARVALHO, F. I. F. (1999). Herança da estatura de planta e do comprimento da panícula principal no cruzamento entre *Avena sativa* L. e *Avena sterilis* L. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.1, p.77-82.

MAZZA, G.; MINIATI, E., Anthocyanins in fruits, vegetables, and grains. **CRC Press**, Boca Raton, Ann Arbor, Londres, 1993, 362 p.

MILANI, M. **Descritores de Mamona utilizados pela Embrapa Algodão**. (2008). Embrapa Algodão Documentos 192, Campina Grande, 2008. Disponível em: https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Repositorio/Descritores+de+mamona+utilizados+pela+embrapa+algodao_000h4tvry6m02wx7ha0awymty2vut27z.pdf. Acessado em: 15/05/2019.

MUHAMMAD A.; HARIS K.; SADAR U. S.; SHAKEEL A. J.; SOHAIL A. J.; M. ILYAS, SHAHID ALI, K.; AHSON K.; MUHAMMAD I. I.; NOOR S. end ABDUL G., (2015). Estimating Spatial Population Structure through Quantification of Oil Content and Phenotypic Diversity in Pakistani Castor Bean (*Ricinus communis* L.) Germplasm. **Science, Technology and Development**. V. 34 Issue 3, 2015, 34: 147-154.

NAPOLEÃO, T. H. (2009). Lectina e metabólitos secundários do cerne de Myracrodruon urundeuva: atividades antioxidante, antifúngica sobre Fusarium e termiticida sobre Nasutitermes corniger, **Mestrado** em Bioquímica e fisiologia. Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Brasil. Título: Ano de Obtenção: 2009.

NOBRE, R. G.; LIMA, G. S.; GHEYI, H. R.; MEDEIROS, E. P. de; SOARES, L. A. dos A.; ALVES, A. N. (2012). Teor de óleo e produtividade da mamoneira de acordo com a adubação nitrogenada e irrigação com água salina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (Online), v. 47, p. 991-999.

NÓBREGA, M. B. de M.; GERALDI, I. O.; DE CARVALHO, A. D. F. (2010). Avaliação de cultivares de mamona em cruzamentos dialéticos parciais. *Bragantia*, Campinas, v. 69, nº 2, p.281-288.

NÓBREGA, M. B. M. Avaliação de genótipos de mamona (*Ricinus communis* L.) em cruzamentos dialéticos parciais. (2008). 77f. **Tese** (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Universidade de São Paulo, SP.

OLEAGINOSAS ENERGÉTICAS, 1. 2010, João Pessoa. Inclusão social e energia: **anais...** Campina Grande: Embrapa Algodão, 2010.

OLIVEIRA NETO, S. S. de, (2017). **Caracterização agromorfológica e reação ao mofo cinzento de acessos de mamoneira** / Sebastião Soares de Oliveira Neto – Botucatu: [s.n], 2017, 74 p.: il.colocr., graf., tabs. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências Agrônômica, Botucatu.

PIEIDADE, G. N. da; VIEIRA, LUCAS V.; SANTOS, A. R. P. dos; AMORIM, D. J.; ZANNOTI, M. D. & SARTORY, M. P. (2019). Principal Component Analysis for Identification of Superior Castor Bean Hybrids. **Journal of Agricultural Science**; Vol. 11, No. 9; 2019 ISSN 1916-9752 E-ISSN 1916-9760

PILLAR, V.P. (1997). **Multivariate exploratory analysis and randomization testing using Multiv**. *Coenoses*, Gorizia, v.12, n.1, p.145-148.

PINKERTON, S. D. R.; ROLFE, D. L.; AULD, V. G. (1999). Seleção de mamoneira para Concentrações Divergentes de Aglutinina de *Ricinus communis* L. **Colheita Sci.** 39: 353-357. doi: 10.2135 / cropsci1999.0011183X003900020008x.

PIVETTA, L. G.; ZANOTTO, M. D.; TOMAZ, C. A. (2017). Crescimento de híbridos de mamona sob densidades populacionais adensadas. **Rev. Ceres** [online]. Vol. 64, n. 4, pp.399-412. ISSN 0034-737X.

PIVETTA, L. G.; ZANOTTO, M. D.; TOMAZ, C. A.; PIVETTA, L. A.; FIOREZE, A. C. C. L.; ZOZ, T. (2015). Avaliação de genótipos de mamona em diferentes níveis de adubação. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 2, p. 9-18.

PROGRAMA GENES - **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Disponível em: www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm. Acessado em: 15/05/2019.

QUEIROGA, V. P.; SANTOS, R. F.; QUEIROGA, D. A. N. (2011). Levantamento da produção de mamona (*Ricinus communis* L.) em uma amostra de produtores em cinco municípios do Estado da Bahia. **Agro@ambiente** On-line, v. 5, p. 148-157.

R CORE TEAM. R. A language and environment for statistical computing. Áustria: **R Foundation for Statistical Computing**, 2017.

RAIHAN, M. S.; LIU, J.; HUANG, J; GUO, H.; PAN, Q.; YAN, J. (2016) Multi-environment QTL analysis of grain morphology traits and fine mapping of a kernel-width QTL in Zheng58 × SK maize population. **Theor Appl Genet** 129:1465–1477.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA. 522p.

RENYI, A. **On measures of entropy and information**. In: **Berkeley Symposium On Mathematical Statistics And Probability**, 4th, 1960, Berkeley. Proceedings. Berkeley: University of California Press, 1961. p. 547-561.

RIBEIRO, I. C. N. S. **Análise da divergência genética em acessos de *Mangifera indica* com base em descritores agromorfológicos e marcadores microssatélites**. 2011. 133 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.

RITZINGER, C. H. S. P. et al. Impact of castor meal on root-knot and free-living nematodes. **Sciencia. Agrícola**, v. 71, n. 4, p. 274–280, ago. 2014.

SALIHU, B. Z.; FALUSI, O. A.; ADEPOJU, A. O.; AROLU, I. W.; DAUDU, O. Y.; ABEJIDE, D. R. & OKE, C. O. (2019). Avaliação da diversidade genética de

genótipos promissores de mamona (*Ricinus communis* L.) na Nigéria. **Notulae Scientia Biologicae**. 11 (3), 467-474.

SANTOS, V. M. dos; CASTRO, H. G. de; CARDOSO, D. P.; LIMS, S. de O.; LEAL, T. C. A. de B. e SANTOS, G. R. dos. (2011). Avaliação do crescimento e da produtividade da mamoneira BRS 149 Nordeste em dois níveis tecnológicos. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**. Vol. 2, N. 3: pp. 58-66, August 2011.

SARWAR, G.; CHAUDHRY, M. B. (2008). Evaluation of castor (*Ricinus communis* L.) induced mutants for possible selection in the improvement of seed yield. Short Communication, Spanish Journal of Agricultural Research, Madrid, v. 6, n. 4, p. 629-634.

SAVY FILHO, A. (2005). Mamona: tecnologia agrícola. Campinas: Emopi, 2005. 105p.

SAVY FILHO, A.; AMORIM, E. P.; RAMOS, N.P.; MARTINS, A.L.M.; CAVICHIOLI, J. C. (2007). IAC-2028: nova cultivar de mamona. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, n.3, p.449-452, 2007.

SAVY FILHO, A; AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; MARTINS, A. L. M.; CAVICHIOLI, J. C. (2007). Novas Cultivares IAC-2028: nova cultivar de mamona. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 449-452. SEVERINO L. S. et al. (2006). Crescimento e produtividade da mamoneira influenciada por plantio em diferentes espaçamentos entre linhas. **Revista Ciência Agrônômica**, v.37, p.50-54.

SEVERINO, L. S. et al. (2006). Avaliação da produtividade e teor de óleo de dez genótipos de mamoneira cultivados em altitude inferior a 300 metros. **Revista Ciência Agrônômica**, v.37, n.2, p.188-194.

SEVERINO, L. S.; AULD, D. L. (2013). Seed yield and yield components of castor influenced by irrigation. **Industrial Crops and Products** (Print). v. 49, p. 52-60.

SHAH, S. K.; PATEL, D. K.; PATEL, R. M.; PATEL, P. S. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**; New Delhi Vol. 8, Ed. 1, (Mar 2015): 177-181.

SHANKAR, V. G.; RAO, P. V. R. e REDDY, A. V. (2010). Inheritance of certain morphological characters and fusarium wilt resistance in castor, *Ricinus comunis* L. **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, 42, 57-64. Disponível em: <http://www.researchgate.net/publication/265350363_Inheritance_of_certain_morphological_characters_and_Fusarium_wilt_resistance_in_castor_Ricinus_communis_L> Acesso em: 14/05/2019.

SHIFRISS, O. (1973). The dropping syndrome of *Ricinus*. **Journal of Heredity**. Washington, 64, 351-355.

SILVA, A. R. da; SILVA, S. A.; SANTOS, L. A. dos; SOUZA, D. R.; ARAUJO, G. de M.; DANTAS, J. L. L.; SILVA, S. L. da; VELLO, L. D. A. C. Characterization and performance of castor bean lineages and parents at the UFRB germplasm bank. **PLoS One**, v. 14, p. e0209335, 2019.

SILVA, A. R. S.; SILVA, S. A.; SANTOS, L. A. dos; SOUZA, D. R. de; ARAUJO, G. de M.; DANTAS, J. L. L.; LEITE, E. da S.; DANTAS, A. C. V. L. (2019). Caracterização e desempenho de linhagens de mamona e progenitores no banco de germoplasma da UFRB. **Plos One**, v. 14, n. 1, p. 1-15.

SILVA, D. F. P.; SIQUEIRA, D. L.; ROCHA, A.; SALOMÃO, L. C. C.; MATIAS, R. G. P.; STRUIVING, T. B. Diversidade genética entre cultivares de mangueiras, baseada em caracteres de qualidade dos frutos. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 59, p. 225-232, 2012.

SOAVE, J.; MORAES, S. A. (1987). Medidas de controle das doenças transmitidas por sementes. In: Soave, E.J.; Wetzel, M.M.V.S. (eds.). **Patologia de sementes**.14, ed. Campinas: Fundação Cargill, p. 192-252, 1987.

SOUZA, A. E. C.; GHEYI, H. R.; SOARES, F. A. L.; MEDEIROS, E. P. de; NASCIMENTO, E. C. S. (2011). Teor de óleo no pinhão manso em função de lâminas de água residuária. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.108-111.

SOUZA, D. M. G.; LOBATO, E. (2004). **Cerrado: correção do solo e adubação**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica. 2ª ed. 416p.

SOUZA, A.S.; TÁVORA, F.J.A.F.; PITOMBEIRA, J.B.; BEZERRA, F.M.L. Épocas de plantio e manejo de irrigação para a mamoneira. I – componentes da produção. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v.38, n.4, p.414-421, 2007.

SOUZA-SCHLICK, G. D.; SORATTO, R. P.; FERNANDES, A. M. e Martins, J. D. L. (2018). Mepiquat Chloride Effects on Castor Growth and Yield: Spraying Time, Rate, and Management. **Crop Science**, 58(2), 880.doi:10.2135/cropsci2017.07.0420.

STRIOTO D. K., KUHN B. C., NAGATA W. S. L., MARINELLI G., OLIVEIRA-COLLET S. A., Mangolin C.A., Machado M.D.F.P.S. Development and use of retrotransposons-based markers (IRAP/REMAP) to assess genetic divergence among table grape cultivars. **Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation**, Volume 17, 2019.

TÁVORA, F. J. A. (1982). **A cultura da mamona**. Fortaleza: EPACE. 111p.
THATIKUNTA, R.; PRASAD, D. Path analysis in castor (*Ricinus communis* L.). *Research Notes, The Madras Agricultural Journal*, Tamil Nadu, v. 88, n. 10-12, p. 705-707. 2001.

ULHOA, A. B.; PEREIRA, T. N. S.; RIBEIRO, C. S. C.; MOITA, A. W. & REIFSCHNEIDER, F. J. B. (2017). Obtenção e caracterização morfoagronômica de linhagens de pimenta do tipo Jalapeño Amarelo. **Horticultura Brasileira**, 35(3), 343-348. <https://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620170305>

VATSA S.; VATSA M. (2019) Castor Biocombustível, uma fonte de energia renovável na Índia - Status e Visão Geral. In: Kumar M., Pandey R., Kumar V. (eds) *Avanços em Engenharia Interdisciplinar. Notas de aula em engenharia mecânica*. Springer, Singapura.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. **Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados acessada por meio de descritores morfológicos**. Científica, Jaboticabal, v. 36, n. 1, p. 56-67, 2008.

ZHENGBIN, Z.; PING, X.; HONGBO, S.; MENGJUN,L.; LIYE, C. (2011). Advances a water use efficiency, **Critical Reviews in Biotechnology**, p.1–13.

ARTIGO 2

**PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
SUPERIORES EM PROGÊNIES F₂ DE *Ricinuscommunis*L¹.**

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial de periódico científico adequado ao tema.

PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES EM PROGÊNIES F₂ DE *Ricinus communis*L.

Autor: MSc.Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra Simone Alves Silva

RESUMO: O objetivo do trabalho foi estimar os componentes de variância e herdabilidade, bem como descrever as correlações entre os caracteres agrônômicos em população segregante de mamoneira, e apresentar, para o primeiro ano de seleção, as melhores constituições (genótipos) para o início de um novo ciclo para o programa de melhoramento genético da espécie. As populações segregantes foram obtidas por hibridações originando cinco famílias compostas cada uma por 120 plantas. A disposição do material experimental no campo foi de famílias intercaladas com testemunhas, sendo uma derivação do delineamento de blocos aumentados, no qual as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns (P₁ e P₂), e as famílias, aos tratamentos regulares. Em cada planta foram analisados os seguintes caracteres de acordo com os estádios de desenvolvimento: número de dias para florescimento (FLO), estatura da planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de 100 sementes (P100) e teor de óleo na semente (TOS). Os caracteres mostram-se apropriado para aplicação de seleção, por apresentarem herdabilidade superior a 50% em todas as famílias, contribuindo para alcance de maiores ganhos genéticos, sendo indicados, dessa forma, 99 genótipos superiores, por apresentarem os maiores valores do índice de Mulaba e Mock (1978). Correlação positiva significativa foi observada entre a EP e P100 em algumas famílias, bem como PSP ao se relacionar com o P100, NSP e ao P100. O FLO com NSP e PSP, apresentam correlação negativa, porém significativa. Em conclusão, para melhorar a produtividade com a seleção de genótipos superiores, a ênfase

principal deve ser nos caracteres que apresentam maior contribuição. Apesar de obtermos uma menor influência do ambiente nos caracteres fenotípicos das plantas, novas avaliações, com os genótipos selecionados devem ser implementados para garantir maior eficiência na seleção, para futuros ensaios de avaliação para o programa de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: mamona; ganho genético; melhoramento genético

GENETIC PARAMETERS, CORRELATION AND SELECTION OF TOP GENOTYPES IN PROGENIES F₂ OF *Ricinus communis* L.

Autor: MSc.Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

ABSTRACT: The objective of this work was to estimate the components of variance and heritability, as well as to describe the correlations between the agronomic traits in the segregating population of castor bean, and to present, for the first year of selection, the best constitutions (genotypes) for the beginning of a new cycle for the breeding program of the species. Segregating populations were obtained by hybridizations, resulting in five families each composed of 120 plants. The arrangement of experimental material in the field was of families interspersed with witnesses, being a derivation of the design of increased blocks, in which the witnesses are equivalent to the common treatments (P₁ and P₂), and the families, to the regular treatments. In each plant, the following traits were analyzed according to the stages of development: number of days for flowering (FLO), plant height (PE), number of seeds per plant (NSP), weight of seeds per plant (PSP), weight of 100 seeds (P100) and oil content in seed (TOS). The characters are appropriate for selection application, because they present heritability greater than 50% in all families, contributing to achieve greater genetic gains, thus being indicated 99 superior genotypes, because they present the highest values of the Mulaba and Mock index (1978). A significant positive correlation was observed between PE and P100 in some families, as well as PSP when related to P100, NSP and P100. The FLO with NSP and PSP presented a negative but significant correlation. In conclusion, to improve productivity with the selection of superior genotypes, the main emphasis should be on the characters with the greatest

contribution. Although we obtain a lower influence of the environment on the phenotypic characters of the plants, new evaluations, with the selected genotypes should be implemented to ensure greater efficiency in the selection, and obtain a smaller number of genotypes that meet the evaluation tests of the crop breeding program.

Keywords: castor bean; genetic gain; breeding genetics

INTRODUÇÃO

A diversidade edafoclimática brasileira possibilita o desenvolvimento de um grande número de espécies vegetais, destacando-se aquelas consideradas para a produção de bioenergia como a mamoneira (*Ricinus communis* L.), que nos últimos anos ganhou destaque no cenário nacional como uma oleaginosa promissora dentre as já existentes como o girassol, algodão, amendoim e óleo de palma (IEA, 2012).

A procura por combustíveis renováveis aumentou significativamente o interesse no cultivo da mamona, bem como o no seu processamento para produção do biodiesel, gerando além disso, subprodutos como a torta e farelo, que podem ser empregados na fertilização dos solos, alimentação animal ou na fabricação de briquetes (lenha ecológica), eliminando o potencial dos impactos ambientais (SEDIYAMA et al., 2014; DUPONT et al., 2015).

Para Cunha et al. (2017) o óleo, ainda tem importante uso nos processos industriais de plástico, siderurgia, saboaria, perfumaria, lubrificante para motores de alta rotação, anticongelante de combustível para aviação e espaçonaves, componentes de automóveis, entre outros que podem chegar a quase duas mil aplicações. O aprimoramento no uso do poliuretano a partir do óleo de mamona, para emprego na fabricação de dispositivos médicos, como órteses, artérias, peles, válvulas entre outros, estão atraindo investimentos na pesquisa, pois são biocompatível com o corpo humano e de fácil degradação (EMBRAPA, 2018; MOREIRA NETO et al., 2019; USCÁTEGUI et al., 2019).

Dessa maneira a mamona figura com elevado potencial para incrementar o agronegócio brasileiro devido à variedade de produtos e subprodutos. Logo, dentre os cultivos agrícolas praticados economicamente no Brasil a ricinocultura, em termos de clima, solo e manejo, apresenta grande

vantagem em relação as demais culturas, fato explicado pelas baixas exigências requeridas para a produção, permitindo a expansão do seu cultivo (SILVA et al., 2013).

No Brasil, a área plantada na safra 18/19 foi de 47.9 mil hectares com uma produção estimada de 29.7 mil toneladas de sementes de mamona, representando um acréscimo da área plantada em relação à safra anterior de 46,5% segundo a CONAB (2019), aumento que pode ser atribuído ao clima favorável e ao preço, aliado à liquidez do produto no mercado.

Com a crescente demanda do mercado pelos produtos derivados da mamona a cultura apresenta grande importância socioeconômica, pois o estímulo a sua produção nas áreas periféricas dos grandes centros produtivos, principalmente no período da entressafra e pela resistência aos períodos de estiagem, possibilitam regularização de produção e manutenção de fonte de emprego e renda para a população rural, diminuindo a pobreza no meio rural e conseqüentemente a migração de mão de obra para os grandes centros (ITURRA, 2003; BRASIL, 2004; CAMPOS et al., 2009). No entanto, a exploração racional da cultura necessita de material que apresentem características de interesse da produção (teor de óleo, produtividade, precocidade, estatura, entre outros) e fácil adaptação (CUNHA et al., 2017; DE OLLAS et al., 2019).

Assim, o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades, que provoquem melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, é de fundamental importância, pois a desorganização e inadequação dos sistemas de produção, devido à reduzida oferta de sementes melhoradas, associada a utilização imprópria para o plantio, bem como da utilização de práticas culturais inadequadas imprime à cultura baixa rentabilidade, sendo que essa realidade pode ser revertida com oferta de material melhorado e adequado, que atendam às necessidades requeridas para retorno econômico satisfatório da cultura.

No processo de melhoramento, é oportuno selecionar a população mais adequada uma vez que as culturas são potencialmente detentoras de uma expressiva variabilidade genética para os caracteres agronômicos desejáveis, sendo que o estudo de seus parâmetros genéticos, possibilita inferir sobre as propriedades intrínseca da população em consonância com as facilidades

disponíveis e com a variabilidade presente (MARQUEZ - SANCHEZ et al., 1970).

Neste sentido, a estimativa dos parâmetros genéticos permite identificar a estrutura genética da população, a dedução da variabilidade genética e auxílio na predição dos ganhos genéticos e eventual êxito no programa de melhoramento. Para Cruz et al. (2006), os valores estimados da mesma forma são importantes na tomada de decisão quanto aos melhores métodos de melhoramento a serem escolhidos, na determinação da natureza da ação gênica relacionadas no controle dos caracteres quantitativos, no estabelecimento das mais variadas estratégias de melhoramento para alcançar ganhos genéticos com a preservação da base genética compatível na população.

Assim, a herdabilidade é um dos parâmetros expressos como a parte herdável da variabilidade total existente no indivíduo podendo, essa variabilidade, ser expressa pelo conjunto de componentes da variância, e sofrer alterações sempre que ocorrer modificações em uma das suas partes, comprometendo o resultando da herdabilidade (SANTOS, 2019). Priya et al. (2018), estudando a magnitude da variabilidade genética em mamona, aponta que a eficiência dos métodos de melhoramento, estará condicionado às informações preditas com o uso dos componentes da variância genética e ambiental, tipo de ação gênica na expressão do caráter a ser selecionado e a magnitude do coeficiente de herdabilidade.

O melhoramento contínuo depende das informações contidas nos parâmetros genéticos como os coeficientes de variação genotípicos (GCV) e coeficiente de variação fenotípica (PCV), para se conseguir determinar a variabilidade genética presente na população em estudo. Associado ao avanço genético, o conhecimento da herdabilidade possibilita a predição do efeito da seleção das melhores plantas para os caracteres de interesse do programa.

Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar os componentes de variância e herdabilidade, bem como descrever as correlações entre os caracteres agronômicos em população segregante de mamoneira, e apresentar, para o primeiro ano de seleção, as melhores constituições (genótipos) para o início de um novo ciclo para o programa de melhoramento genético da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido entre os meses de maio a dezembro de 2018, na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas – Bahia, situado no Recôncavo Baiano, e estabelecido entre as coordenadas geográficas de 12° 40' 19" latitude sul, 39° 06' 23" de longitude oeste de Greenwich e altitude de 220 m.

O clima da região é classificado com subúmido, apresentando para o ano de estabelecimento do experimento conforme CLIMATEMPO (2019), pluviosidade média anual de 916 mm, com variações da ordem de 900 a 1.300 mm, sendo os meses de março a agosto os mais chuvosos e de setembro a fevereiro os mais secos, com temperatura média anual de 24,1°C e região apresentando solo classificado como Latossolo Amarelo álico coeso, de textura argilosa e relevo plano (RIBEIRO et al., 1995), e por tanto, condições ideais para o bom desenvolvimento da cultura.

A área foi preparada de forma convencional com aração e gradagem, 60 dias antes do plantio, e segundo análise de solo com auxílio do distribuidor de calcário e fertilizantes foi aplicado 1200kg de calcário/ha⁻¹, sendo incorporado ao solo por uma gradagem.

O plantio ocorreu em 04 de maio de 2018, as covas foram abertas de forma manual com o auxílio de enxada, com profundidade três vezes superior ao tamanho da semente, em seguida procedeu-se a adubação de fundação na dosagem de 20 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de P e 40 kg ha⁻¹ de K. A semeadura foi direta no campo, utilizando três sementes por genótipo, não houve irrigação artificial devido ter ocorrido no período de chuvas.

Para realização do experimento foram utilizadas hibridações genéticas em campo no ano de 2016 com os parentais contrastantes e de destaque para caracteres de interesse do programa de melhoramento. Os híbridos resultantes passaram a compor um novo experimento em 2017 para avaliação de desempenho, e concomitantemente às avaliações, cada planta foi

autofecundada, utilizando para isto apenas o segundo racemo, revestidos com sacos de TNT. De posse dos resultados e seleção das melhores famílias, sementes dos parentais e da população segregante originada foram plantas individualmente, obedecendo o espaçamento de 2 metros entre fileiras e 0,80 m entre plantas, com densidade de 10 plantas por fileira. O número de genótipos para cada genitor (UFRB₃₆, UFRB₁₂₂, UFRB₁₆₀, UFRB₁₇₆, UFRB₁₉₃, UFRB₂₄₈ e UFRB₂₅₅) e população segregante (F₂) derivada de cada cruzamento, foi em média 40 e 120, respectivamente.

A disposição do material experimental no campo foi de famílias intercaladas com testemunhas, sendo uma derivação do delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956), no qual as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns (P₁ e P₂), e as famílias, aos tratamentos regulares (F₂). O esquema experimental pode ser assim descrito: A 1^a linha, composta por 10 plantas, cada uma sendo considerada uma parcela, representando a testemunha (1^a repetição do P₁); nas próximas 3 linhas (2^a a 4^a), foram semeadas as progênies (F₂) e a parcela seguinte (5^a) foi ocupada pela testemunha (1^a repetição do P₂), e assim sucessivamente, até terminar todas as 5 famílias. A parcela foi constituída de uma fileira de 8,8 m, com 12 plantas espaçadas em 0,80 m, sendo as extremidades consideradas bordaduras.

Em cada planta foram analisados os seguintes caracteres de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura propostos pelo Mapa (BRASIL, 2008) e UFRB/CCAAB/NBIO (2014):

Número de dias para Florescimento (FLO): período estimado em dias, entre a emergência até o início do florescimento; Estatura da planta (EP): medida da base do solo ao ápice do ramo mais alto da planta em centímetros com auxílio de trena ou fita métrica; Número de sementes por planta (NSP): contagem manual do número de sementes dos quatro primeiros racemos; Peso de sementes por planta (PSP): Soma do peso em gramas, das sementes dos quatro primeiros racemos, utilizando uma balança analítica; Peso de 100 sementes (P100): contagem manual de 100 unidades de semente, em seguida pelo método preconizado pela RAS (BRASIL, 2009), foram encaminhadas para estufa permanecendo por 24h a 105°C, até 9 % de umidade e Teor de óleo na semente (TOS) expresso em porcentagem, com uso da técnica de Ressonância Magnética Nuclear – RMN.

Em cada uma das características, foi realizada a análise de variância (ANOVA) em nível de 5% de probabilidade, com o objetivo de testar a hipótese de existência de variância entre médias de famílias, sendo os valores médios alcançados, comparados e agrupados segundo o teste de Scott e Knott. E com base no modelo em blocos ao acaso com informação de indivíduos dentro de parcela, foram estimados os parâmetros genéticos a partir de informações de parcela e de indivíduos.

Os valores obtidos possibilitaram estimar também os parâmetros genéticos para cada geração F₂ obtida, revelando a variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) e genética ($\hat{\sigma}_G^2$), conforme Cruz (2013): variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{F_2}^2$); variância ambiental ($\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2 = VM_{F_2} = \frac{VM_{P1} + VM_{P2}}{2}$) e variância

genética ($\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$), em que σ_{P1}^2 é a variância do genitor 1, σ_{P2}^2 é a variância do genitor 2, e $\sigma_{F_2}^2$ a variância de F₂. A herdabilidade para os caracteres teor de óleo na semente, florescimento, estatura de planta, número de sementes por planta e peso de sementes por planta foi estimada em cada população segregante, em sentido amplo (h_a^2), segundo modelo proposto por

Cruz (2013), com uso da expressão:
$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2} = \frac{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 + \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2}.$$

Predição de ganhos de seleção da população F₂ em que:

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

Sendo:

DS: diferencial de seleção;

\bar{X}_s : média dos indivíduos selecionados em F₂;

\bar{X}_o : média da população F₂.

O ganho por seleção, considerando-se os indivíduos da população F₂ é estimado pela expressão:

$$\Delta G = DS h_a^2 \text{ e } GS\% = \frac{\Delta G}{\bar{X}_o}$$

ΔG : ganho de seleção predito;

DS: diferencial de seleção;

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F₂;

GS (%): ganho de seleção em percentagem;

\bar{X}_o : média da população F₂.

A média prevista para o primeiro ciclo de seleção dos indivíduos selecionados em F2 é dada por:

$$\dot{X}_c = \dot{X}_o + \Delta G$$

\dot{X}_c : média predita para o primeiro ciclo de seleção;

\dot{X}_o : média da população F2;

ΔG : ganho de seleção.

De posse dos dados, estimou-se a correlação parcial, medida informativa sobre a relação entre duas características, removendo-se os efeitos de outras características sobre a associação estudada (CRUZ et al., 2004),

Para a seleção dos genótipos de maior destaque a população foi submetida a uma pressão de 25% levando em consideração o desempenho morfoagronômico, sendo para isso, utilizada a técnica do índice de soma de classificação de Mulamba e Mock (1978), no qual foram utilizados os caracteres de maior interesse para a seleção. Os caracteres utilizados foram florescimento, estatura de plantas, número de sementes por planta, peso de sementes por planta, peso de 100 sementes e teor de óleo na semente, identificando 18, 23, 20, 23 e 15 genótipos, respectivamente nas famílias 01, 02, 03, 04 e 05, sendo portanto, revelados 99 genótipos como os mais promissores. O índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), baseia-se no ordenamento (rank) dos genótipos (influenciados por pesos de interesse) das características avaliadas, que após a soma, tornam-se os índices para classificação dos genótipos. A fórmula deste índice é: $Y_i = \sum p_j r_{ij}$ Y_i = índice do i-ésimo genótipo; P_j = peso econômico atribuído à j-ésima variável (característica); r_{ij} = ordenamento (rank) do i-ésimo genótipo na j-ésima variável. As análises foram realizadas, utilizando-se o Programa Computacional R Core Team (2019) e GENES (CRUZ, 2006).

RESULTADOS DE DISCUSSÃO

Os parâmetros genéticos estimados para uma determinada população, expressa inúmeras informações da natureza dos genes responsáveis pela herança dos caracteres, informações de vital importância na tomada das

decisões referentes aos métodos de melhoramento a serem utilizados na condução dos experimentos (SANTOS et al., 2019; SOWMYA et al., 2019).

A análise de variância (Tabela 1), revelou diferença significativa pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,05$) entre todas as famílias, avaliadas, sugerindo a existência de constituições agrônômica diferenciadas, possibilitando a avaliação das famílias e conseqüentemente a sua comparação e agrupamento pelo teste de Scott e Knott (SCOTT KNOTT, 1974).

Tabela 1 - Estimativa de médias aritmética de cinco famílias de mamoneira para seis descritores agrônômicos, agrupados pelo teste de Scott-Knott. Cruz das Almas – BA

Famílias	Características					
	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
F01	74.27 ^a	126.65 ^c	196.46 ^a	116.14 ^a	65.5029 ^a	45.44 ^b
F02	72.09 ^a	91.62 ^a	146.07 ^b	70.43 ^b	46.6833 ^c	43.09 ^c
F03	82.65 ^c	127.86 ^c	128.90 ^b	86.99 ^b	65.2214 ^a	43.29 ^c
F04	77.92 ^b	115.06 ^b	180.31 ^a	117.08 ^a	55.3691 ^b	44.82 ^b
F05	79.63 ^b	111.78 ^b	205.50 ^a	89.13 ^a	38.8355 ^d	46.36 ^a
Média	77.35	114.59	171.45	95.95	54.32	44.6
QM Trat	1167 ^{**}	14148 ^{**}	71246 ^{**}	26926 ^{**}	8960 ^{**}	129 ^{**}
CV	8.51	21.74	56.13	56.15	18.29	6.27

FLO: florescimento (dias); EP: estatura de plantas (cm); NSP: número de sementes de plantas (unid); PSP: peso de sementes por planta (g); P100: peso de 100 sementes (g); TOS: teor de óleo nas sementes (%); médias com letras iguais não diferem entre si, pelo teste de Scott & Knott, a 5% de probabilidade. QM Trat: Quadrado Médio do Tratamento; e **: Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F e CV: Coeficiente de variação

A característica peso de 100 sementes (P100) apresenta a maior variabilidade e possibilita distribuir as famílias em quatro grupos distintos, sendo seguida pelo florescimento (FLO), estatura de plantas (EP) e teor de óleo (TOS) que se constituem por 3 grupos, dando continuidade segue o número de sementes por planta (NSP) e peso de semente por plantas (PSP) que são formados por dois grupos distintos entre as famílias avaliadas. A variabilidade genética é fator determinante para qualquer programa de melhoramento (Ramalho et al., 2000), desta forma, sendo assim, as famílias em estudo mostram-se, a princípio, promissoras para trabalhos de seleção de constituições superiores para os caracteres de interesse.

O ciclo vegetativo, compreendido entre a germinação e floração, apresenta uma variação média entre as famílias de 72 a 82 dias, valores

equivalentes foram encontrados por Silva et al. (2019) ao avaliaram a diversidade genética entre 208 linhagens e parentais de mamoneira, com base em descritores morfoagronômicos. Severino et al. (2006) e Pivetta et al. (2015), afirmam que a altura de inserção do racemo primário, correspondente à fase reprodutiva da planta, inicia-se com o crescimento do caule primário, culminando com a emissão do primeiro racemo, sendo uma característica relacionada à precocidade da planta, na qual a mais precoce lança seu cacho em menor altura.

Para Nobrega et al. (2001) e Lima et al. (2018), a inserção do racemo primário é uma característica importante dentro da cultura por proporcionar a seleção de constituições de fácil adaptação a curtos períodos, visto que, a precocidade na cultura da mamoneira é um fator de importância para regiões de irregularidades de chuvas, por assegurar a produção dos racemos primários, sendo aqueles de maior participação na produção final de grãos, características estas que foram destacadas por vários autores (CORREA et al., 2006; SOUZA et al., 2007; TÁVORA, 1982).

Dessa maneira, materiais genéticos precoces são requeridos nos programas de melhoramento e, portanto, a característica de dias para o florescimento deve ser avaliada (LARA et al., 2012), pois do ponto de vista do melhoramento genético, com o ciclo de desenvolvimento menor existe a probabilidade da realização de mais cruzamentos durante o ano.

A estatura média de plantas, apresenta uma variação entre as famílias de 91,62 a 127,86 cm, valores semelhantes aos reportados por Oliveira Neto et al. (2019) e Silva et al. (2019). Mesmo não sendo um problema para o cultivo a presença de plantas de estatura alta, com o uso das técnicas convencionais, as mamoneiras com estatura baixas são preteridas, quando se utiliza a mecanização para as diversas operações de cultivo e colheita, (Lopes et al., 2008; Ferreira et al., 2009).

Para Udoh et al. (2016), quanto mais altas são as plantas, mais trabalhos são desprendidos para os cultivos durante o ciclo, bem como para o processo de colheita, sendo mais adequadas aquelas de porte reduzido, o que implica na constituição de plantas com menor dreno vegetativo, o que possibilita adensamento e conseqüentemente a colheita mecanizada, garantindo maior rentabilidade para a cultura (PIVETTA et al., 2019).

Para os caracteres número e peso médio de sementes, os valores por família, variam respectivamente de 128,90 a 205,5 unidades e 70,43 a 117,08 g, respectivamente. Passos (2009), trabalhando com geração segregante F_2 de mamoneira a partir do BAG da UFRB/CCAAB/NBIO, identificou variação do número de sementes de 171,8 a 389,00 unidades e 120,0 a 338,0 g para o peso de sementes, já Santos (2013) trabalhando com populações avançadas ($F_4:F_5$ e $F_5:F_6$) encontrou valores médio de 33 a 153 unidades de sementes com 24,20 a 90,47g. É possível observar, nas populações mais avançadas a existência de menor variação nos caracteres, fato relacionado ao aumento da homozigose, imprimindo uma menor amplitude entre os caracteres observados. De acordo com Allard (1971) e Borém et al. (2009), a proporção de plantas homozigotas está em função do número de pares de alelos e do número de gerações de autofecundação, ocorridos nos programas de melhoramento da espécie.

As médias alcançadas do peso de 100 sementes neste estudo, variaram de 38,83 a 65,50 g entre as famílias avaliadas, valores próximos aos relatados por Oliveira Neto et al. (2019), que analisando os componentes de produtividade e teor de óleo de cultivares de mamoneira no semiárido paraibano, identificaram médias de 55,48 e 48,45 g nas cultivares BRS Paraguaçu e BRS Nordestina, respectivamente. Observa-se que por se tratar de cultivares, a amplitude entre as médias não diferem drasticamente, quando comparado ao comportamento das médias entre populações segregantes. Wang et al. (2011), relataram que o peso de 100 sementes para os acessos da coleção e germoplasma do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos, variaram 10,1 a 63,3 g. Um alto peso de semente permite altos rendimentos de grãos (SAVY FILHO et al., 1999; FREIRE et al., 2007), consequentemente melhor produtividade para a cultura, sendo aquelas famílias com melhores resultados, detentora de um maior número de indivíduos com elevado potencial para seleção. Nobre et al. (2012) enfatizou que o peso de 100 sementes exerce um papel importante na produtividade da cultura, pois à medida em que a massa das 100 sementes aumentou, ocorreu incremento em seu teor de óleo.

O teor óleo entre as famílias avaliadas apresenta valores médios variando de 43,09 a 46,36%. Santos (2013), observou uma variação de 39,10 a 57,48% com média entre as plantas de 52,14% em populações avançadas

(F4:F5 e F5:F6). Oliveira Neto et al. (2019), avaliando 50 acessos proveniente de diferentes estados brasileiros, em banco de germoplasma da Universidade Estadual Paulista, identificou sementes com teor de óleo variando de 50,2% a 50,8%. Para Jellum et al. (1973), o teor de óleo é mais influenciado pelo material genético de que pelas interferências ambientais. Assim, Severino et al. (2006) afirmam que a cultivar BRS Energia apresenta teor de óleo nas sementes, de aproximadamente 48%. Visando avaliar o efeito da irrigação sobre a cultivar BRS energia, Nobre et al. (2012), comprovou que não houve incremento no teor de óleo, obtendo resultados dentro dos limites para a cultivar. O teor de óleo de semente configura-se como uma das características mais importantes por se tratar do produto de maior demanda dentro da cultura, pelo valor atribuído quando da sua produção, sendo então, um dos critérios utilizados para selecionar genótipos superiores (SAVY FILHO et al., 1999; FREIRE et al., 2007; MILANI et al., 2009).

As magnitudes dos coeficientes de variação (Tabela 1), oscilam de 6.27 a 56.15%. As características FLO e TOS, apresentam coeficiente de variação de 8.51 e 6.27% respectivamente, com baixa magnitude ($CV \leq 10$) indicando alta precisão. A EP apresenta 21.74% e P100 demonstra um CV de 18.29%, considerada de média magnitude ($10 \leq CV \leq 20$) e conseqüentemente boa precisão. Já o NSP revela um CV de 56.13%, bem como o PSP com 56.15%, sendo considerados de magnitude muito alta ($CV > 30$). O elevado CV pode ser justificado pela característica inerente de populações segregantes, que de acordo a Gregory (1967), ocorre possivelmente pela existência de mais de um gene controlando o caráter, determinando um maior número de classes na geração F_2 diferindo dos seus genitores, por haver uma maior frequência de recombinantes, contribuindo para sucessos com a seleção e progresso genético (REIS et al., 2004) confunde com citação de Gregory. Altos valores de coeficiente de variação, para os mesmos caracteres relatados nesse estudo, foram descritos por Shimeles et al. (2016), que afirmam ser relevantes por indicar a variabilidade substancial na população estudada, garantindo amplo escopo para o melhoramento por meio da seleção. Além disso, a identificação de transgressivos nessas populações segregantes ajuda a nortear as decisões e o planejamento de futuras seleções, em busca de genótipos superiores.

O estudo de variações genéticas de uma população segregante é útil para entender as consequências genéticas na população, sendo a herdabilidade responsável, por sua vez, em descrever até que ponto a característica é transmitido de uma geração para a outra. O avanço genético é uma estimativa adicional do ganho esperado devido à pressão de seleção no material de melhoramento. Uma alta herdabilidade associada ao avanço genético para diferentes componentes de produção é uma melhor possibilidade de seleção de genótipos de alto rendimento. De posse dos dados analisados para as famílias, a investigação dos parâmetros genéticos foi realizada para estimar as variações nos genótipos segregantes originados em cada família avaliada.

O coeficiente de variação expresso nos níveis fenotípico e genotípico é utilizado para comparar a variabilidade observada entre os diferentes caracteres. Portanto, o conhecimento sobre a variabilidade usando parâmetros como coeficiente de variação genotípico ($\hat{\sigma}_G^2$), e coeficiente de variação fenotípico ($\hat{\sigma}_P^2$), é de suma importância para um programa de melhoramento eficaz. Os coeficientes de variação genotípico e fenotípico ($\hat{\sigma}_G^2$ e $\hat{\sigma}_P^2$), herdabilidade em sentido amplo estão resumidas na Tabela 2, já as estimativas do ganho de seleção (GS% média) estão resumidas na Tabela 3.

A estimativa de parâmetros genéticos é importante na orientação dos programas de melhoramento, pela previsão dos valores genéticos, possibilitando maximizar a seleção, contribuindo com o processo seletivo e recomendação de novos materiais (FARIAS NETO e REZENDE., 2001; MAIA et al., 2009).

Os resultados estimados dos parâmetros genético para os seis caracteres em estudo, estão dispostos na Tabela 2. Segundo Sebbenn et al. (1999), o coeficiente de variação genética é um parâmetro de grande importância por permitir um ganho adicional pela seleção entre progênies. Sua magnitude reforça a hipótese da eficiência de ganhos em trabalhos de melhoramento. Em geral, as contribuições das variâncias genotípicas ($\hat{\sigma}_G^2$), representam a maior parte das variâncias fenotípicas ($\hat{\sigma}_P^2$), para os caracteres EP, NSP e PSP sendo observada uma menor contribuição para FLO, P100 e TOS. Na família 01, os caracteres TOS, FLO e P100 apresentam respectivamente 3.41%, 8.56%, e 11.76% da contribuição das variâncias

genotípicas, atribuindo-se ao ambiente uma participação superior na variância fenotípica, comportamento equivalente são observados nas demais famílias, sendo que para EP, NSP e PSP apresentaram respectivamente maior participação da variação genética com valores de 20.06%, 47.69% e 53.09%.

As características avaliadas fazem parte do grupo de caracteres quantitativos e, portanto, podem sofrer elevada influenciada do ambiente (ATROCH et al., 2013), culminando em uma maior participação na variação fenotípica, como previamente relatado por Santos et al. (2019), que trabalhando com população avançada (F₄:F₅ e F₅:F₆) número e peso de sementes por planta encontraram valores respectivos

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variâncias fenotípica (σ_F^2), de ambiente (σ_E^2) e genotípica (σ_G^2), e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), coeficiente de variação genotípica (CVg%), coeficiente de variação ambiental (CVe%) e coeficiente de variação relativa (CVr) de seis características agrônômicas estudadas em cinco famílias de mamoneira, oriundas do Programa de melhoramento Genético do N BIO. Cruz das Almas – BA, 2018

Família	Variância e Herdabilidade	Descritores					
		FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
F01	σ_F^2	40.44	787.8	11740.8	4965.7	75.92	4.24
	σ_E^2	14.23	141.9	970.95	622.02	22.76	1.6
	σ_G^2	26.21	645.8	10769.9	4343.7	53.16	2.64
	h_a^2	0.64	0.81	0.78	0.87	0.7	0.62
	CVg(%)	8.56	20.06	47.69	53.09	11.76	3.41
	CVe(%)	3.99	14.94	17.06	17.00	5.62	2.83
	CVr	2.14	1.30	2.74	3.11	2.09	1.20
F02	σ_F^2	84.32	548.7	5982.8	1764.3	101.3	18.6
	σ_E^2	33.34	91.04	978.26	229	16.46	4.58
	σ_G^2	50.34	457.6	500.4	1535.3	84.83	14
	h_a^2	0.59	0.83	0.83	0.87	0.83	0.75
	CVg(%)	9.53	22.31	20.18	51.6	19.6	8.6
	CVe(%)	7.75	9.95	14.44	19.93	8.63	4.92
	CVr	1.23	2.24	0.72	2.59	2.27	1.75
F03	σ_F^2	39	53.511	6969.3	1891	82.54	7.79
	σ_E^2	15	149	461.94	343.51	19.46	1.9
	σ_G^2	23	382.5	6507.35	1547.5	63.07	5.89
	h_a^2	0.6	0.71	0.93	0.81	0.76	0.75
	CVg(%)	5.8	15.34	59.08	42.67	12.26	5.64
	CVe(%)	4.68	9.57	15.74	20.1	6.81	3.2
	CVr	1.24	1.6	3.75	2.12	1.8	1.76
F04	σ_F^2	46.48	808	7581.23	3494.7	102.3	9.14
	σ_E^2	23.14	283.1	2947.66	721.19	43.32	2.22
	σ_G^2	23.34	525	4633.56	2773.5	58.95	6.91
	h_a^2	0.5	0.64	0.61	0.79	0.57	0.75
	CVg(%)	6.17	19.81	36.39	45.45	14.24	5.87
	CVe(%)	6.15	14.54	29.02	23.17	12.21	3.33
	CVr	1	1.36	1.25	1.96	1.17	1.76
F05	σ_F^2	152.7	483.7	15779.4	3005.3	164.2	3.82
	σ_E^2	29.46	159.2	5245.71	923.28	46.53	1.74
	σ_G^2	123.3	324.6	10533.7	2082.1	117.7	2.08
	h_a^2	0.81	0.67	0.66	0.69	0.71	0.54
	CVg(%)	14.29	16.15	50.99	51.19	28.04	3.12
	CVe(%)	6.99	11.31	35.99	34.09	17.63	2.85
	CVr	2.05	1.43	1.42	1.5	1.59	1.09

FLO: florescimento (dias); EP: estatura de plantas (cm); NSP: número de sementes de plantas (unid); PSP: peso de sementes por planta (g); P100: peso de 100 sementes (g); TOS: teor de óleo nas sementes (%).

de 12.33%, 14.66%, equivalentes aos encontrados por Oliveira et al. (2013) avaliando população avançada (F_3) de mamoneira onde obteve 15.15% para número de sementes por planta e 21.05% para o peso, resultados próximos aos relatados por Passos et al. (2010) trabalhando com população segregante F_2 .

Observa-se pelo coeficiente de correlação relativa (CVr) que todas as razões apresentam valores iguais ou superiores a unidade nas variáveis analisadas (Tabela 2), constituindo medidas de influência do ambiente sobre o desempenho dos genótipos, sendo parâmetros de confiabilidade no sucesso de seleção em indivíduos superiores (FALUBA et al., 2010). Os valores indicam boas perspectivas de ganho por seleção direta, pois a variância genética superou a ambiental, sendo que as características se revelam pela maior constituição genética (YOKOMIZO, 2012). Vale ressaltar, que esses valores estão em concordância com os valores das altas herdabilidade reveladas para os caracteres. Assis et al. (2010), analisando a herdabilidade no sentido amplo, ao encontrar resultados superiores, verificou elevada determinação também para o coeficiente (CVg/CVe) superiores a 1.0, indicando variabilidade e, portanto, uma situação favorável à seleção (FERREIRA et al., 2003).

A herdabilidade no sentido amplo (h^2) que expressa a variação genética entre genótipos, indica também qual o melhor método a ser utilizado nos programas de melhoramento (RESENDE et al., 2002), varia na Família 01 de 0.62 para TOS a 0.87 para PSP, para a família 02 o FLO apresenta 0.59 e 0.87 para o PSP, a família 03 apresenta herdabilidade de 0.60 e 0.93, respectivamente para FLO e NSP, já na família 04 o FLO revela 0.50 e o PSP ficou com 0.79, finalizando com a família 05 que apresenta herdabilidade de 0.54 para TOS e 0.81 para o FLO. Os valores obtidos neste estudo, são semelhantes aos observados por Passos et al. (2010), que avaliaram o FLO em cruzamentos direcionados em mamoneira, encontrando valores compreendidos entre 0.38 a 0.86. Similarmente, Santos et al. (2019), constatou para FLO e TOS de 0.75 e 0.08 respectivamente. Patel et al. (2017) avaliando uma população híbrida constatou herdabilidade de 0.53 para TOS. Já Bindu et al. (2018) identificaram alta herdabilidade no sentido amplo para EP (0.97), e peso de 100 sementes (0.85). As altas herdabilidade imprimem um bom

controle genético, indicando que a maior parte da variação observada advém da parte genética (CRUZ NETO et al., 2016).

Tabela 3. Média original (\bar{X}_O), média dos genótipos selecionados (\bar{X}_S) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela relação simultânea quanto às características florescimento (FLO), número de sementes por planta (NSP), peso de semente por planta (PSP), peso de cem sementes (P100), teor de óleo na semente (TOS) em cinco famílias de mamoneira oriundas do Programa de melhoramento Genético do N BIO. Cruz das Almas – BA, 2018

Família	Efeitos	Descritores					
		FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
F01	\bar{X}_O	73.85	123.26	191.25	114.66	65.21	45.34
	\bar{X}_S	65.84	88.94	342.93	208.83	73.55	47.99
	GS(%)	-7.03	-22.82	72.74	71.83	9.94	3.29
F02	\bar{X}_O	74.46	95.89	154.96	75.93	47	43.49
	\bar{X}_S	55.4	53.4	386.64	195.33	70.97	48.82
	GS(%)	-15.28	-36.96	125.05	136.83	42.69	9.24
F03	\bar{X}_O	82.68	127.5	136.53	92.19	64.78	43.06
	\bar{X}_S	74.75	99	260.96	151.16	75.49	46.24
	GS(%)	-5.75	-16.08	85.09	52.34	12.63	5.57
F04	\bar{X}_O	78.27	115.68	187.08	115.88	53.92	44.81
	\bar{X}_S	70.78	83.65	307	201.32	67.97	47.95
	GS(%)	-4.8	-17.98	39.17	58.51	15.02	5.3
F05	\bar{X}_O	77.68	111.56	201.27	89.13	38.69	46.28
	\bar{X}_S	62.7	87.23	380.29	165.72	57.49	48.6
	GS(%)	-15.55	-14.63	59.37	59.52	34.82	2.72

FLO: florescimento (dias); EP: estatura de plantas (cm); NSP: número de sementes de plantas (unid); PSP: peso de sementes por planta (g); P100: peso de 100 sementes (g); TOS: teor de óleo nas sementes (%).

A alta herdabilidade está associada ao avanço genético, indicando a fácil fixação no avanço de gerações (YOKOMIZO, 2012), dessa forma ao observar os caracteres FLO, EP, NSP, PSP, P100 e TOS, apresentados, associados a alta variabilidade existente na população a seleção direta é uma ferramenta eficaz na escolha de genótipos superiores (AYTAC e KINACI, 2009). Uma vez que são características de importância para o desenvolvimento da cultura, por influenciarem diretamente na produtividade (HALILU et al., 2013).

De posse dos dados obtidos e do estabelecimento dos parâmetros genéticos, foi possível selecionar os genótipos de cada família, com base na superioridade para os caracteres elencados como de interesse para o programa: estatura de planta (EST); florescimento (FLO); peso de sementes por planta (PSP); número de sementes por planta (NSP) peso de 100 sementes (P100) e teor de óleo na semente (TOS), para tal utilizou-se o índice de classificação de Mulamba e Mock (1978), no qual identificou-se, dentro de cada família os genótipos mais promissoras, e sendo empregado um pressão de seleção dentro da de cada família de 25%, o que possibilitou a escolha dos

seguintes genótipos, para o primeiro ano de seleção: **Família 01:** UFRB669, UFRB673, UFRB677, UFRB681, UFRB682, UFRB687, UFRB689, UFRB691, UFRB693, UFRB705, UFRB716, UFRB718, UFRB739, UFRB741, UFRB743, UFRB746, UFRB759 e UFRB764; **Família 02:** UFRB616, UFRB653, UFRB594, UFRB562, UFRB652, UFRB573, UFRB651, UFRB557, UFRB642, UFRB660, UFRB563, UFRB567, UFRB626, UFRB629, UFRB574, UFRB650, UFRB641, UFRB597, UFRB649, UFRB648, UFRB625, UFRB606, UFRB640; **Família 03:** UFRB425, UFRB426, UFRB427, UFRB428, UFRB429, UFRB431, UFRB433, UFRB438, UFRB439, UFRB440, UFRB441, UFRB443, UFRB446, UFRB448, UFRB449, UFRB450, UFRB451, UFRB453, UFRB505, UFRB526; **Família 04:** UFRB326, UFRB328, UFRB329, UFRB331, UFRB332, UFRB333, UFRB338, UFRB345, UFRB350, UFRB352, UFRB357, UFRB361, UFRB363, UFRB367, UFRB372, UFRB381, UFRB395, UFRB399, UFRB421, UFRB422, UFRB423, UFRB433, UFRB436 e **Família 05:** UFRB784, UFRB789, UFRB793, UFRB794, UFRB795, UFRB796, UFRB797, UFRB805, UFRB808, UFRB813, UFRB875, UFRB876, UFRB877, UFRB883 e UFRB899.

As estimativas dos ganhos genéticos para os caracteres avaliados, apresentam-se significativos em todas as famílias (Tabela 3), possibilitando a seleção de plantas com florescimento antecipado de quatro a 11 dias, refletindo em genótipos com potencial precocidade para produção, conforme relatado por Terra et al. (2015). Segundo Prasad et al. (1984), genótipos produtivos com florescimento e maturação precoces devem ser selecionados para cultivos nas regiões semiáridas caracterizadas por estresse hídrico periódico.

Para a estatura de plantas o ganho dentre os genótipos selecionados, apresentou redução média de 16.32 a 35.44 cm, sendo de grande impacto para a cultura. Os resultados para este caráter são inferiores aos observado por Silva et al. (2017), que avaliando a divergência genética entre linhagens e parentais de mamoneira, relatou valores médio de plantas entre 100 e 150 cm, bem como aos encontrados por Sampaio Filho et al. (2011) ao analisar quatro cultivares de mamona ao longo de duas safras no Recôncavo da Bahia, observaram alturas de plantas entre 92 e 233 cm. Yousaf et al. (2018), analisando dosagens de NPK na cultura, encontrou alturas superiores aos relatados nesse estudo. Para Pivetta et al. (2015) a obtenção de materiais com menor dreno vegetativo favorece o seu adensamento e consequentemente a

colheita mecanizada, resultando, dessa forma, em plantas com características que imprimem uma melhoria nos tratos culturais, facilitando principalmente,

Tabela 4. Coeficientes de correlação simples de Pearson entre seis caracteres; FLO: florescimento (dias); EP: estatura de plantas (cm); NSP: número de sementes de plantas (unidade); PSP: peso de sementes por planta (g); P100: peso de 100 sementes (g); TOS: teor de óleo nas sementes (%), em cinco famílias de mamoneira oriundas do Programa de melhoramento Genético do NBIO. Cruz das Almas – BA, 2018

Famílias	Caracteres	FLO	EP	NSP	PSP	P100
F01	EP	0.06 ^{ns}				
	NSP	-0.21 ^{ns}	0.61**			
	PSP	-0.37**	0.35**	0.75**		
	P100	-0.18 ^{ns}	0.42**	0.37 ^{ns}	0.41**	
	TOS	0.21 ^{ns}	0.12 ^{ns}	-0.09 ^{ns}	-0.20 ^{ns}	-0.02 ^{ns}
F02	EP	0.12 ^{ns}				
	NSP	-0.15 ^{ns}	0.48**			
	PSP	-0.1 ^{ns}	0.50**	0.92**		
	P100	-0.12 ^{ns}	0.16 ^{ns}	0.11 ^{ns}	0.30**	
	TOS	-0.03 ^{ns}	0.28**	0.23 ^{ns}	0.31**	0.17 ^{ns}
F03	EP	0.01 ^{ns}				
	NSP	-0.33**	0.30**			
	PSP	-0.36**	0.29**	0.75**		
	P100	-0.48**	0.09 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.26*	
	TOS	-0.09 ^{ns}	-0.24**	-0.13 ^{ns}	-0.15 ^{ns}	-0.14 ^{ns}
F04	EP	0.14 ^{ns}				
	NSP	-0.23*	0.38*			
	PSP	-0.13 ^{ns}	0.39**	0.80**		
	P100	-0.02 ^{ns}	0.08 ^{ns}	0.11 ^{ns}	0.34**	
	TOS	-0.12 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.08 ^{ns}	0.01 ^{ns}	-0.09 ^{ns}
F05	EP	-0.20 ^{ns}				
	NSP	-0.42**	0.48**			
	PSP	-0.43**	0.51**	0.89**		
	P100	-0.10 ^{ns}	0.00 ^{ns}	0.06 ^{ns}	0.26*	
	TOS	0.06 ^{ns}	-0.16 ^{ns}	0.05 ^{ns}	0.09 ^{ns}	0.11 ^{ns}

** e *: significativo a 1 e 5% de probabilidade (teste T) respectivamente. ^{ns}: não significativo.

a colheita (SOUSA et al., 2009). De acordo com Pinto et al. (2011), plantas com baixas inserção do racemo primário, apresentaram, possivelmente, melhor partição de carbono para a formação dos cachos.

O número de sementes por planta apresenta ganho variando de 39.17 a 125.05%, sendo que a população de seleção alcançou incremento de 119.92 e 231.68 semente. Alves et al. (2015), avaliando uma população de mamoneiras irrigada, com densidade equivalente a utilizada nesse estudo, encontrou para a cultivar BRS Energia, um número de sementes por planta inferior (19,54) aos observados pelas famílias em estudo para as condições de sequeiro, sugerindo a superioridade dos genótipos selecionados.

O peso de semente por planta apresenta um ganho de seleção que variou de 52 a 136.83%, sendo atribuído um elevado ganho, com um

incremento respectivamente de 48.25 a 102.62 g, possibilitando o uso desses genótipos no programa de melhoramento. Ferreira et al. (2015), avaliando o crescimento e produção da mamoneira BRS Paraguaçu sob irrigação, cobertura do solo e adubação orgânica, encontrou peso de sementes por plantas variando de 128 e 134 g, assim com os resultados de França et al. (2013), que obtiveram peso médio de sementes de aproximadamente 75 g e 34,27 g por planta, respectivamente. Um alto peso de semente permite altos rendimentos de grãos (Freire et al. 2007).

Para o peso de 100 sementes, verifica-se um ganho na população selecionada de 9.94% a 42.69%, ou seja, um incremento da ordem mínima de 6.48 g e máxima de 20.06 g. Esse diferencial entre as famílias, possivelmente ocorre devido aos diferentes cruzamentos realizados, confirmando que o peso de 100 sementes é bastante influenciado pelo material genético (CORRÊA et al., 2006). Costa et al. (2017), avaliando a produção da mamoneira - BRS Gabriela, submetida a níveis de irrigação, observou que não houve diferença entre as lâminas de aplicação de água, e encontrou peso médio de 100 sementes de 47,17 g, Moreira et al. (2009), avaliando o peso de 100 sementes proveniente dos racemos de 1^a, 2^a e 3^a ordens do cultivar IAC Guarani, não identificaram diferenças estatísticas nos valores máximos de 42.9, 43.9 g e 42,8 g.

O teor de óleo, presente nas sementes é o caráter com menor ganho na seleção, obtendo-se valores entre 2.72 a 9.24% entre as famílias. O conteúdo de óleo de semente é uma característica importante, bem como um dos critérios utilizados para selecionar genótipos superiores de mamona (MILANI et al. 2009). Severino et al. (2006) relatam que a cultivar BRS Energia possui teor de óleo médio de 48% nas sementes, valores equivalentes aos encontrados por Nobre et al. (2012), ao trabalhar com a mesma cultivar em sistema irrigado. Ambos autores enfatizam que a medida que o peso de 100 sementes aumenta, ocorre um incremento no teor de óleo, corroborando os estudos de Sousa et al. (2011) que detectou uma correlação positiva entre ambas variáveis na cultura do pinhão manso, a medida que aumentava a lâmina de água. No entanto, para Jellum et al. (1973), o teor de óleo é mais dependente do material genético do que do ambiente. Na avaliação de nove cultivares de milho, Duarte

et al. (2005) não observaram correlação positiva entre as variáveis peso de 100 sementes e teor de óleo.

Acosta-Navarrete et al. (2017), ao estudarem 14 acessos de mamoneira em condição local no México, encontraram teores de óleo entre 45,37 e 55,53% nas sementes. Para os autores, essas diferenças podem ser devidas às condições agroecológicas nas quais as plantas silvestres são adaptadas, mostrando respostas ao estresse ambiental, geralmente resultando em uma maior síntese de compostos secundários (AKULA et al., 2011; SELMAR et al., 2011)

As estimativas de correlações entre os caracteres, aumentam a eficiência ao utilizar dados correlacionados, pois permitem buscar o melhoramento de forma indireta. Assim, correlações significativas em nível de 1% de probabilidade de erro, pelo teste T foram identificadas para as famílias avaliadas (Tabela 4). Os caracteres EP e NSP apresentam coeficientes variando de $r = 0.30$ a $r = 0.61$, consideradas, portanto, de magnitude moderada (DANCEY, 2006). Resultados similares ($r = 0.38$) envolvendo ambos caracteres foram relatados Oliveira (2011), e também detectados ($r = 0.428$) por Abimiku et al. (2012) em estudos de variabilidade genética e correlação em caracteres quantitativos na cultura da mamoneira. Estes resultados demonstram que, quanto maior a estatura de planta, maior o número de sementes produzidas. Estas correlações revelam cuidado na redução da estatura sem comprometer os componentes de produtividade, no entanto, as correlações apresentadas por cada família diferem entre si, sendo maiores ou de menores magnitudes, possibilitando, com cautela, a seleção direta para uma das características, ou seja, selecionar plantas de porte reduzido sem comprometer a produtividade. Kaul et al. (1974), revelaram que, quando a correlação é moderada ou alta associada a uma alta herdabilidade para os caracteres de interesse, fica evidente os ganhos nos avanços do melhoramento genético, e, portanto, um instrumento confiável e útil na predição de resposta genética à seleção.

Seguindo o mesmo comportamento visto anteriormente, as correlações entre EP e PSP, apresentam estimativas que variam de $r = 0.29$ a $r = 0.51$, entre as famílias, resultados semelhantes aos encontrados por Santos et al. (2019), que encontrou alto grau de associação, mesmo com baixa proporção (r

= 0.08). Esses resultados indicam a possibilidade da obtenção de genótipos com baixa estatura e produtores de sementes com maior peso, entre e dentro das famílias avaliadas, proporcionando maior produtividade, atendendo aos objetivos do programa de melhoramento genético da cultura.

A correlação entre a EP e P100, expressa correlação positiva e significativa ($r = 0.42$) apenas para a família 01, sendo não significativa para as demais (Tabela 4). Estes resultados sugerem, que indiretamente a correlação do peso médio de 100 sementes e estatura da planta, sofrem influência quando ocorrem mudanças na estatura da planta e, portanto, quanto menor, maior a magnitude da correlação, possibilitando plantas de porte menores com a produção de sementes mais pesadas e conseqüentemente de maior participação na produtividade da cultura. Segundo Coelho et al. (2007) e Dawo et al. (2007) a massa das sementes é uma característica inerente ao genótipo, ou seja, tende a apresentar estabilidade. No entanto Souza et al. (2010), afirmam que fatores bióticos ou abióticos podem interferir nesses resultados.

Estimativas de correlação positivas e significativas, são observadas entre as famílias avaliadas, para as características PSP, P100 e NSP variando de $r = 0.26$ a $r = 0.41$ para PSP e P100, de $r = 0.75$ a $r = 0.92$ para PSP e NSP, valores próximos aos revelados por Oliveira (2019) e Santos et al. (2019) avaliando a correlação entre PSP e NSP que encontraram respectivamente $r=0.89$ e $r = 0.76$. Os valores de PSP e P100 encontrados nesse estudo, apresentaram correlação positiva e com alta magnitude, já Abimiuk et al. (2010) identificaram estimativas de correlação negativas considerando estes caracteres. Para florescimento e número de sementes por planta, as famílias F03, F04 e F05 apresentam, respectivamente, $r = -0.33$, $r = -0.23$ e $r = -0.42$, assim como as correlações entre FLO e PSP que nas famílias, F01, F03 e F05 tem $r = -0.37$, $r = -0.36$ e $r = -0.43$, as correlações embora negativas são significativas, indicando que florescimento mais precoce produz genótipos com maior número e peso de sementes por planta. Resultados semelhantes aos encontrados por Santos et al. (2019), para a relação do florescimento com número de sementes por planta, bem como para o peso de sementes por plantas com $r = -0.16$ e $r = -0.15$ nessa ordem.

Dessa forma a variabilidade apresentada nas famílias avaliadas neste estudo, demonstraram a existência de uma grande diversificação de

material. Manga (2007), ressalta que a presença de variação representa uma grande utilidade no melhoramento genético de plantas por disponibilizar população ou populações heterogêneas para um vasto espectro no processo de seleção.

CONCLUSÕES

1. Os caracteres avaliados apresentam-se apropriado para aplicação de seleção, devido aos resultados de alta herdabilidade, possibilitando melhores chances de ganhos genéticos.
2. São selecionados de acordo ao índice de Mulamba e Mock, 18, 23, 20, 23 e 15 genótipos nas famílias 01, 02, 03, 04 e 05, respectivamente.
3. A análise de correlação de Pearson indica uma correlação positiva significativa entre a estatura de plantas e peso de cem sementes na Família 01, bem como em todas as famílias para peso de semente por planta e peso de cem sementes, número de sementes por planta e peso de cem sementes. O florescimento e número e peso de sementes por planta apresentam uma correlação negativa, porém significativa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABIMIKU O. E.; AZAGAKU E. D.; NDOR E. (2012). Genetic variability and correlation studies in some quantitative characters in castor (*Ricinus communis*. L) Accessions. **Asian J. Agric. Sci.** 4(6):368-372.
- ABIMIKU, O. E. e BELLO, L. L. (2010). Variability Studies of Some Castor (*Ricinus communis*. L). Accession for Yield and Yield Components PAT. **Asian Journal of Agricultural Sciences**. June, 2010, 6(1): 84-91.
- ACOSTA, N. M. S.; BOTELLO, Á. J. E.; HERNÁNDEZ, M. M.; BARRÓN, A. J. M.; QUINTANILLA, D. J.; GONZALEZ, A. G.; MONTES, H. S. e QUINTANILLA, D. J. (2017). Avaliação da variabilidade de sementes de mamona (*Ricinus communis*) por análise multivariada de acessos locais do México. **Jornal Africano de Pesquisa Agrícola**, 12 (29), 2388-2397. DOI: 10.5897 / AJAR2017.12472.
- AJEET, S.; PANDEY V. P.; CHAUBEY, K. R. M.; SINGH, R. e MISHRA, S. S. (2019). Estimar a herdabilidade e o avanço genético em porcentagem da média no germoplasma de feno-grego [*Trigonella foenum-graecum* L.]. **Revista Internacional de Estudos Químicos**. 2019; 7 (1): 951-954.

AKULA, R. e RAVISHANKAR G. A. (2011). Influência dos sinais de estresse antibiótico nos metabólitos secundários das plantas. Sinalização e comportamento de plantas, 6 (11), 1720-1731.

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.

ALVES, G. da S.; TARTAGLIA, F. de L.; BELTRÃO, N. E. de M.; SAMPAIO, L. R. e FREIRE, M. A. de O. (2015). Densidade populacional e seu efeito na produtividade da mamoneira BRS Energia sob cultivo irrigado. **Revista Ciência Agrônômica**, 46(3), 546-554. <https://dx.doi.org/10.5935/1806-6690.20150037>.

ALVES, G. S.; TARTAGLIA, F. L.; FERREIRA, M. M.; BEUTLER, A. N.; SANTOS, E. C. (2015). Análise de crescimento de mamoneira BRS Energia em função da densidade populacional. **Revista Caatinga** (Online), v. 28, p. 167-175.

ANDERSON, V. M. D.; ARCHBOLD, R. L. GENEVE, D. L. e K. L. JACOBSEN. (2016). Fonte de fertilidade e estresse hídrico no crescimento das plantas e na produção de óleo essencial de *Calendulaofficinalis*. **HortScience**, 51 (4), 342-348.

ANDERSON, V. M.; ARCHBOLD, D. D.; GENEVE, R. L.; INGRAM, D. L. e JACOBSEN, K. L. (2016). Fonte de fertilidade e estresse hídrico no crescimento das plantas e na produção de óleo essencial de *Calendulaofficinalis*. **HortScience**, 51 (4), 342-348.

ASSIS, L. C. da S. L. C.; LIRA, M. de A.; SANTOS, M. V. F. dos; DUBEUX JÚNIOR, J. C. B. e CUNHA, M. V. da. (2010). Estimativa de parâmetros genéticos sob duas estratégias de avaliação em híbridos intra e interespecíficos de capim-elefante. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39 (12), 2589-2597. <https://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010001200005>.

AYTAC, Z. G., KINACI, E. (2009). Genetic variability and association studies of some quantitative characters in winter rapeseed (*Brassica napus L.*). **Afr. J. Biotech.** 8 (15):3547-3554.

AZEVEDO, D. M. P. et al. **Recomendações técnicas para o cultivo da mamoneira (*Ricinuscommunis L.*) no nordeste do Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA CNPA, 1997. p. 39. (EMBRAPA-CNPA. Circular Técnica, 25).

BARROS JUNIOR, G. et al. Consumo de água e eficiência do uso para duas cultivares de mamona submetidas a estresse hídrico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 12, n. 4, 2008, p. 350–355.

BELTRÃO, N. E. de M.; PEREIRA, S. R. de P. I.; SOARES, J. J. V. & SILVA, O. R. F. (2006). O Cultivo Sustentável da Mamona no Semi-Árido Brasileiro. Embrapa Algodão. **Cartilha**, 1. Campina Grande, 2006 62p.

BHATAI, C. R.; RABSON, R. (1976). Bioenergetic considerations in cereal breeding for protein improvement. **Science**, New York, v.194, p.1418-1421.

BINDU, P. P.; KUMAR, M. V. N.; SHANKAR, V. G.; SESHU, G.; ANURADHA, G. e VENKATA, R. M. (2018). Studies on Magnitude of Genetic Variability and Estimates of Combining Ability for Yield and its Contributing Traits among Improved Lines of Castor (*Ricinus communis* L.). **Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.** 7(01): 3031-3041. doi: <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.701.360>.

BONNY S. B., DJE Y. (2011). Variabilitémorphologique et agronomiquedesvariétéstraditionnelles de voandzou [*Vignasubterranea* (L.) verdc. (fabaceae)] de Cote d'Ivoire. **JournalofAppliedBiosciences**. 41:2820-2835.

BORÉM, A. e MIRANDA, G. V. (2009). **Melhoramento de Palntas**. Viçosa: Editora da UFV.

BURTON, J. W. Quantitative genetics: results relevant to soybean breeding. In: WILCOX, J.R. (Ed.). **Soybeans: improvement production and uses**. 2. ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1987. p. 211-247.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. (2017). Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolusvulgaris* L.). **Ci. Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, p. 1241-1247.

CORREA, M. L. P.; TAVORA, F. J. A. F.; PITOMBEIRA, J. B. (2006). Comportamento de cultivares de mamona em sistemas de cultivo isolados e consorciados com caupi e sorgo granifero. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 37, n. 02, p. 200-207.

COSTA, C. P. de M.; GUERRA, H. O. C. O.; ZONTA, J. H.; CARVALHO, C. M. de; SOUSA, P. O. G. R. de; CARVALHO, L. L. S. de. (2017). Produção da mamoneira - BRS Gabriela Submetida a níveis de irrigação. **Revista brasileira de agricultura irrigada**, v. 11, p. 1834-1844.

Cruz CD (2006) **Programa Genes: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa, Editora UFV. 285p.

Cruz CD, Regazzi AJ e Carneiro PCS. (2004). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ªed. Viçosa, UFV. 480p.

CRUZ NETO, A. J.; ROSA, R. C. C.; OLIVEIRA, E. J.; SAMPAIO, S. R.; SANTOS, I. S.; SOUZA, P. U.; PASSOS, A. R.; JESUS, O. N. (2016). Genetic parameters, adaptability and stability to selection of yellow passion fruit hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 321-329.

CRUZ, C.D. Genes Software – (2016). Extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552.

DANCEY, C. P. e REIDY, J. (2006). **Estatística sem Matemática para Psicologia: Usando SPSS para Windows**. Porto Alegre, Artmed.

DAROS, M.; AMARAL, J. A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS F. S. S.; SCAPIM, C. A.; FREITAS, J. S. P.; DAHER, R. F. e ÁVILA M. R. (2004) Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, 34:1389-1394.

DAWO, M. I.; SANDERS, F. E.; PILBEAM, D. J. (2007). Yield, yield components and plant architecture in the F3 generation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from a cross between the determinate cultivar 'Prelude' and an indeterminate landrace. **Euphytica**, Netherlands, v. 156, n. 1, p. 77-87.

DHEDHI, K. K.; GHELANI, Y. H.; JOSHI, H. J. E DANGARIA, C. J. (2010). Correlation and path coefficient analysis in castor (*Ricinus communis* L.) over environments. **Agri. Sci. Dig.** 30(4): 286- 289.

DUARTE, A. P.; MASON, S. C.; JACKSON, D. S.; KIEHL, J. C. (2005). Grain quality of Brazilian maize genotype as influenced by nitrogen level. **Crop Science**, v.45, p.1958-1864.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; LIMA, R. O. de; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. (2010). Potencial genético da população de milho UFV7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n. 6, p. 1250 - 1256.

FERREIRA, M. G. C.; MARUYAMA, W. I.; SORATTO, R. P. (2009). Avaliação de cultivares de mamona em dois arranjos de plantas no outono-inverno em Cassilândia - MS. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 13, n. 2, p. 53-60.

FERREIRA, M.; QUEIROZ, M. A.; BRAZ, L. T.; VENCOVSKY, R. (2003). Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, 21: 438-442.

FERREIRA, N. M., MESQUITA, E. F. de; SÁ, F. V. da S.; BERTINO, A. M. P.; PAIVA, E. P. de e FARIAS, S. A. R. (2015). Crescimento e produção da mamoneira BRS Paraguaçu sob irrigação, cobertura do solo e adubação orgânica. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 19(9), 857-864. <https://dx.doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v19n9p857-864>.

FRANÇA, R. G.; AFFÉRI, F. S.; JÁCOME, A. N.; ARAÚJO, P. R. B. de; NAOE, L. K. e PELÚZIO, J. M. (2013). Comportamento de cultivares de mamona (*Ricinus communis*L.) sob diferentes densidades populacionais, no estado do Tocantins. **Rev. de Ciências Agrárias**. Lisboa. v. 36, n. 3, p. 317-

323, jul. Disponível

em

<http://www.scielo.mec.pt/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0871-018X2013000300006&lng=pt&nrm=iso>. Acessos em 12 dez de 2019.

FREIRE, R. M. M.; LIMA, E. F.; ANDRADE, F. P.; MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. de M. (2007). Melhoramento genético. *In*: AZEVEDO, DMP; BELTRÃO, NE de M. (ed.). **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2007. p. 169-194.

GAMA, E. E. G.; PARENTONI, S. N.; LOPES, M. A.; PACHECO, C. A. P. (1999). Variabilidade genética em populações de milho de ciclo superprecoce. I. Estimação de parâmetros genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**. v. 23, n. 4, p. 876-881, 1999.

GOLAKIA, P. R.; KAVANI, R. H. e MONPARA, B. A. (1984). (2007). Variação genética e relação traço em rícino (*Ricinus communis* L.) **Natl. J. Plant. Improv.** pp. 60 – 62.

HALILU, A. D.; ABA, D. A. e OGUNWOLE, J. O. (2013). Genetic variability, genetic gain and relationships of yield and yield components in castor (*Ricinus communis* L.). Res. Rev. in **BioSci**. 7(5): 181-186.

JELLUM, M. D.; BOSWELL, F. C.; YOUNG, C. T. (1973). Nitrogen and boron effects on protein and oil of corn grain. **Agronomy Journal**, v.65, p.330-331.
KAUL, M. I. H. e BHAM, A. K. (1974). Studies on some genetic parameters of rice. **Thore Apple Genetics**. 44: 178-183.

KELLING, K. A.; FIXEN, P. E. (1992). Soil and nutrient requirements for oat production. *In*: MARSHALL, H. G.; SORRELIS, M.E. (Eds.). **Oat science and technology**. Madison: ASA/CSSA. chap.6, p.165-190. (Agronomy, 31).

KOUJALAGI, D.; DESAI, S. A.; BIRADAR, S. S.; NAIK, R. V.; YASHAVANTHA, K. J.; SATISH, T. N. e KUMAR, N. C. (2017). Estudo de parâmetros de variabilidade genética em Diferentes gerações de segregação em trigo (*Triticum Aestivum* EU.). **Meio ambiente e ecologia**, 35 (3B): 2056-206.

LACERDA, R. D. de; GUERRA, H. O.; BARROS JÚNIOR, G. Influência do déficit hídrico e da matéria orgânica do solo no crescimento e desenvolvimento da mamoneira BRS 188 - Paraguaçu. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 4, n. 4, out. / dez. 2009, p. 440–448.

LARA, A. C. C.; ZANOTTO, M. D.; OKITA, C. H. (2012). Influência do ambiente em características relacionadas ao florescimento da mamoneira. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, p. 44-50.

LIMA, L. P. A.; GAMA K. F. S.; ROSA, L. L.; GARCIA, S. M.; MUSIS C. R. e GAIO, D. C. (2018). Análise descritiva de parâmetros meteorológicos como auxílio no cultivo de mamona em Diamantino/MT. **Revista Ibero Americana de Ciências Ambientais**, v.9, n.2, p.108-114. DOI: <http://doi.org/10.6008/CBPC2179-6858.2018.002.0010>.

LOPES, F. F. de M.; BELTRÃO, N. E. de M.; LOPES NETO, J. P. e PEDROZA, J. P. (2008). Crescimento inicial de genótipos de mamoneira com sementes submetidas ao envelhecimento acelerado. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 12, n. 2, p. 69-79.

MANGA, A. G. (2007). Genetic variability, combining ability and Heterosis for some agronomic traits in Castor (*Ricinus cummunis* L.) accessions. Unpublished Ph.D. **Thesis**, University of Agriculture, Makurdi, pp: 80-90.

MEHTA, D. R. e VASHI, P. S. (1998). Correlation and path analysis of yield and its componentes in castor. **Indian Journal of Agricultural Research**, New Delhi, v. 32 n. 3, p. 160 – 164, Mar.

MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. M e ANDRADE, F. P. (2009). **Andamento e perspectivas do programa de melhoramento da mamona da Embrapa**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2009.

MUNDSTOCK, C. M. e THOMAS, A. L. (2005). **Soja: fatores que afetam o crescimento e o rendimento de grãos**. Porto Alegre: Departamento de Plantas de Lavoura - UFRGS. 31p.

NOBRE, R. G., LIMA, G.OVANI SOARES DE, GHEYI, HANS RAJ, MEDEIROS, EVERALDO PAULO DE, SOARES, LAURIANE ALMEIDA DOS ANJOS, & ALVES, ALLAN NUNES. (2012). Teor de óleo e produtividade da mamoneira de acordo com a adubação nitrogenada e irrigação com água salina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47(7), 991-999. <https://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700016>.

NOBRE, R. G.; LIMA, G. S.; GHEYI, H. R.; MEDEIROS, E. P. de; SOARES, L. A. dos A. e ALVES, A. N. (2012). Teor de óleo e produtividade da mamoneira de acordo com a adubação nitrogenada e irrigação com água salina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (Online), v. 47, p. 991-999.

NÓBREGA, M. B. de M. et al. Germoplasma. In: AZEVEDO, D. M. P.; LIMA, E. F. (Eds.). (2001). O agronegócio da mamona no Brasil. Brasília, DF: EMBRAPA Algodão. cap. 11, p.57-281.

OLIVEIRA NETO, S. S. de; MANJAVACHI, M. K. de P.; ZEFFA, D. M.; SARTORI, M. M. P. e ZANOTTO, M. D. (2019). Morphological characterization and selection of castor bean accessions for mechanized production. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 49, e56749. Epub November 25, 2019. <https://dx.doi.org/10.1590/1983-40632019v4956749>.

OLIVEIRA NETO, S. S. de; MANJAVACHI, M. K. de; ZEFFA, D. M.; SARTORI, M. M. P. e ZANOTTO, M. D. (2019). Morphological characterization and selection of castor bean accessions for mechanized production. **Pesqui. Agropecu. Trop.** Goiânia. v. 49, e 56749, 2019.

OLIVEIRA, R. S. (2011). Avaliação de população segregante (F₃) de mamoneira em condições do Recôncavo Baiano / Ronaldo Simão de Oliveira. Cruz das Almas - BA. 51f.; il. Orientadora: Simone Alves Silva. **Dissertação**

(Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas.

OLIVEIRA, T. N.; SANTOS, M. V. F.; LIRA, M. A.; MELLO, A. C. L.; CUNHA, M. V.; FREITAS, E. V.; FERREIRA, R. L. C. (2011). Estabilidade e adaptabilidade de clones de *Pennisetum* sp. sob pastejo: Mancha ocular. **Archivos de zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 725-732.

PATEL, K. P.; PATEL, M. P.; JOSHI, N. R. e PATEL, J. A. (2017). General and specific combining ability for quantitative characters in castor (*Ricinus communis* L.). **Electronic J. PlantBreeding**. 8(2): 422 – 427.

PINTO, C. M.; PINTO, O. R. O.; SIZENANDO FILHO, F. A. e PITONBEIRA, J. B. (2011). Mamona consorciada com girassol em plantios defasados: análise de trilha da produtividade e seus componentes. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v.6, p.219-229.

PIVETTA, L. G.; ZANOTTO, M. D.; TOMAZ, C. A.; PIVETTA, L. A.; FIOREZE, A. C. L. e ZOZ, T. (2015). Avaliação de genótipos de mamona em diferentes níveis de adubação. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia-MS, v. 2, n. 2, p. 9-18, abr./jun.

PRASAD, M. V. R. e MAMED, F. B. F. (1984). Evaluation of some varieties and hybrids of castor (*Ricinus communis* L.). **Ciências Agrônômicas**. Fortaleza, v. 15, n. ½, p.71 -74.

R Core Team (2019). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org>.

RAMANJANEYULU, A. V. E REDDY A. V. (2012). Estudos sobre correlação e análise de coeficiente de trilha em mamona *rabi* (*Ricinus communis* L.). **Res. Culturas**, 13 (3). pp. 1115 – 1118.

RUZ, C. D. e CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicáveis ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

SANTOS, L. A. dos. CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS ELITES DE MAMONEIRA (*Ricinus communis* L.) POR MEIO DO DESEMPENHO MORFOAGRÔNOMICO E MOLECULAR NO ESTADO DA BAHIA/Laurenice Araujo dos Santos. Cruz das Almas, BA, 2013. 85f.; il. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas.

SANTOS, L. A. dos; SILVA, S. A.; SOUZA, D. R. de; ARAUJO, G. de M.; ALMEIDA, V. de O. e NEVES, C. G. (2019). Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, 49 (1), e20180547. Epub February 11.

SAVY FILHO, A.; BANZATTO, N. V.; VEIGA, R. F. de A.; CHIAVEGATO, E. J.; CAMARGO, C. E. de O.; CAMPO-DALL'ORTO, F. A.; GODOY, I. J.

de; FAZUOLI, L. C.; CARBONELL, S. A. M. e SIQUEIRA, W. J. (1999). **Descritores mínimos para o registro institucional de culturas: mamona. Campinas:** Instituto Agrônômico.

SCOTT, A. e KNOTT, M. (1974). Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y. e DIDIO JUNIOR, O. J. (1999). Variação genética entre e dentro de populações de amendoim - *Pterogynenitens*. **ScientiaForestalis**, n. 56, p. 29- 40.

SELMAR, D. e KLEINWÄCHTER, M. (2013). O estresse aprimora a síntese de produtos vegetais secundários: o impacto do estresse relacionado à redução no acúmulo de produtos naturais. **Fisiologia Vegetal e Celular**, 54 (6), 817-826.

SEVERINO, L. S.; FERREIRA, G. B.; MORAES, C. R. de A.; GONDIM, T. M. de S.; CARDOSO, G. D.; VIRIATO, J. R. e BELTRÃO, N. E. de M. (2006). Produtividade e crescimento da mamoneira em resposta à adubação orgânica e mineral. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.879-882.

SHIMELES A.; BEKELE A.; DAGNE, W. e ADEFERIS, T. (2016). Genetic Variability And Association Of Characters In Ethiopian Hot Pepper (*Capsicum Annum L.*) Landraces. **Journal of Agricultural Sciences**. 61(1): 19- 36.

SILVA, A. R.; SILVA, S. A.; SANTOS, A. A. dos; SOUZA, D. R. de; ARAÚJO, G. de M. e MOREIRA, R. F. C. (2017). Genetic divergence among castor bean lines and parental strains using ward's method based on morpho-agronomic descriptors. **Acta Scientiarum**. v. 39, n. 3, p. 307-313.

SILVA, S. M. S.; ALVES, A. N.; GHEYI, H. R.; BELTRÃO, N. E. DE M.; SEVERINO, L. S. e SOARES, F. A. L. (2008). Desenvolvimento e produção de duas cultivares de mamoneira sob estresse salino. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. v.12, p.335-342. <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-43662008000400001>.

SORATTO, R. P., SOUZA-SCHLICK, G. D., GIACOMO, B. M. S., ZANOTTO, M. D., e FERNANDES, A. M. (2011). Espaçamento e população de plantas de mamoneira de porte baixo para colheita mecanizada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 46(3), 245-253.

SOUZA, A. E. C.; GHEYI, H. R.; SOARES, F. A. L.; MEDEIROS, E. P. de; NASCIMENTO, E. C. S. (2011). Teor de óleo no pinhão manso em função de lâminas de água residuária. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.108-111.

SOUZA, A. dos S.; TÁVORA, F. J. A.; FERNANDES, P. J. B. e BEZERRA, F. M. L. (2007). Épocas de plantio e manejo da irrigação para a mamoneira. II - Crescimento e produtividade. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 38, n. 04, p. 422-429.

SOUZA, C. A.; COELHO, C. M. M.; STEFEN, D. L. V.; SACHS, C. e FIGUEIREDO, B. P. (2010). Atributos morfométricos e componentes da produção do feijoeiro sob efeito de redutores de crescimento. **Científica**, Jaboticabal, v. 38, n. 1/2, p. 030-038.

SOWMYA, P.; VANAJA M.; SUNITA V. e RAGHURAM R. P. (2019). Variability and Genetic Advance for Seed Yield and its Components in Castor (*Ricinus communis* L.) Germplasm of CRIDA under Rain-Fed Conditions in Alfisols. **Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.** 8(1): 2001-2011.

TAVORA, F. J. A. (1982). **Cultura da mamona**. Fortaleza: EPACE. 111 p.

TERRA, T. G. R.; LEAL, T. C. A. de B.; RANGEL, P. H. N. e BOREM, A. (2015). Características de tolerância à seca em genótipos de uma coleção nuclear de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 50, p. 788-796, 2015.

THAKUR, P. P.; UPADHYAY. K.; RASHMI, P.; RAVINDRA, C.; KAILASH. M., KUDUKA, C. (2018). Study of Genetic Variability, Path Analysis and Diversity of Selected Germplasm Lines of Wheat (*Triticum aestivum* L.), Under Very Late Sown Condition. *International Journal of Bio-resource and Stress Management*. 9. 203-208. 10.23910/IJBSM/2018.9.2.3C0972.

UDOH, O. e ABU, N. (2016). Phenotypic variability in Nigerian castor (*Ricinus communis* L.) accessions. **African Journal of Agricultural Research**. 11. 4222-4232. 10.5897/AJAR2016.10688.

VOLDENG, H. D.; CORBER, E. R.; HUME, D. J.; GILLARD, C. e MORRISON, M. J. (1997). Fifty-eight years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Crop Science**, Madison, v.37, p.428-431.

WANG, M. L.; MORRIS, J. B.; PINNOW DL, DAVIS J, RAYMER P, PEDERSON (2011). A survey of the castor oil content, seed weight and seed coat color on the United States Dep. of Agriculture germplasm collection. **J. Agric and Food Chem**.

WILCOX, J. R. e GUODONG, Z. (2012). Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, Madison, v.37, p.361-364, 1997.

YADAV, Y. P.; YADAV, I. S.; RAVI, P. E SINGH, R. e YADAVA, J. S. (2004). Associação genotípica e análise de coeficiente de caminho em mamona(*Ricinuscommunis* L.)**J. Oilseeds Res.** pp. 346 – 348.

YOKOMIZO, G. K. (2012). Produtividade da soja na região do Município de Tartarugalzinho – AP. **Comunicado Técnico**, Embrapa, p.1-5, <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/67305/1/AP-2012-Produtividade-sojaTartarugalzinho-CT-127.pdf>.

YOUSAF, M. M.; HUSSAIN, M.; SHAH, M. J.; AHMED, B.; ZESHAN, M.; RAZA, M. M. e ALI, K. (2018). Rendimento da resposta da mamona

(*Ricinus communis L.*) aos fertilizantes NPK em condições climáticas áridas. Paquistão **Journal of Agricultural Research**. 31 (2): 180-185.

ZIMMERMAN, L. H. (1958). Castor: uma nova oleaginosa para produção mecanizada. **Avanços em Agronomia**. v. 10, n. 1, p. 257-288, 1958.

ARTIGO 3

***Ricinus communis* L., COM ELEVADO TEOR DE ÓLEO E BASE
MOLECULAR AMPLA POR MARCADORES SSR**

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial de periódico científico adequado ao tema.

Ricinus communis* L., COM ELEVADO TEOR DE ÓLEO E BASE MOLECULAR AMPLA POR MARCADORES SSR*Autor:** MSc.Gean Carlo Soares Capinan**Orientadora:** Dra Simone Alves Silva

RESUMO: A mamoneira (*Ricinus communis* L.) tornou-se uma das plantas de maior destaque comercial no cenário mundial nos últimos anos, devido a sua produção de óleo que é empregado em diversos segmentos industriais. A adaptação às diversas regiões do globo, com destaque para as regiões tropicais, é responsável pela expansão da produção em mais de 30 países. O melhoramento genético da espécie tem como base avaliar a diversidade genética existente na população e explorar os genótipos visando o aumento da frequência gênica de caracteres de interesse. Assim, o objetivo do estudo foi utilizar marcadores do tipo Sequencias Simples Repetidas - SSR, para analisar a variabilidade genética dentro de cinco famílias e identificar aqueles genótipos com distintos perfis de DNA associados a um maior teor de óleo. Foram analisados 17 *primers* SSRs e avaliação do teor de óleo para todos os genótipos de cada família. Sendo a dissimilaridade entre os genótipos determinada pelo coeficiente descrito por Gower (1971), o que possibilitou a construção dos dendogramas para cada uma das cinco famílias, pelo método UPGMA, que revelou diferentes agrupamentos. Os *primers* revelaram-se polimórficos, com PIC variando de 0.639 a 0.956, revelando número total de alelos de 05 a 25. A Heterozigosidade observada compreendida entre 0.694 a 0.944 e o nível de endogamia, apresentou valores de 0.05 a 0.44. A análise conjunta de dados moleculares com nível de teor de óleo possibilitou a seleção de 44 genótipos com elevado teor de óleo e simultaneamente divergentes, contribuindo para separação daqueles a comporem os próximos estudos, para validação da sua superioridade e assim contribuir com o programa de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Seleção, polimorfismo, melhoramento

Ricinus communis* L., WITH HIGH OIL CONTENT AND WIDE MOLECULAR BASE BY SSR MARKERS*Autor:** MSc.Gean Carlo Soares Capinan**Orientadora:** Dra Simone Alves Silva

ABSTRACT: The castor bean (*Ricinus communis* L.) has become one of the most prominent commercial plants in the world in recent years, due to its oil production that is used in several industrial segments. Adaptation to the various regions of the globe, especially tropical regions, is responsible for the expansion of production in more than 30 countries. The genetic improvement of the species is based on evaluating the genetic diversity existing in the population and exploring the genotypes aiming at increasing the gene frequency of characters of interest. Thus, the aim of the study was to use Markers of the Type Simple Sequence Repeats - SSR to analyze the genetic variability within five families and identify those genotypes with distinct DNA profiles associated with a higher oil content. Seventeen SSRs *primers* and evaluation of oil content for all genotypes of each family were analyzed. Since the dissimilarity between genotypes was determined by the coefficient described by Gower (1971), which allowed the construction of dendrogram for each of the five families, by the UPGMA method, which revealed different clusters. The primers were polymorphic, with PIC ranging from 0.639 to 0.956, revealing a total number of alleles from 05 to 25. The observed heterozygosity between 0.694 and 0.944 and the level of inbreeding presented values from 0.05 to 0.44. The joint analysis of molecular data with oil content level allowed the selection of 44 genotypes with high oil content and simultaneously divergent, contributing to the separation of those to compose the next studies, to validate their superiority and thus contribute to the breeding program of the species.

Keywords: Selection, polymorphism, improvement

INTRODUÇÃO

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma planta oleaginosa da família das Euforbiáceas. Trata-se de uma espécie autógama, porém, devido ao seu sistema reprodutivo, possui ampla taxa de alogamia, podendo ser classificada como plantas mistas ou intermediárias (BERTOZZO et al., 2011).

A mamoneira apresenta grande relevância econômica, pois de suas sementes é extraído o óleo de rícino, sendo o Brasil o terceiro maior produtor. Essa cultura é uma grande empregadora de mão de obra e geradora de empregos, tendo como características: elevada resistência à seca, facilidade de aclimatação, desenvolvimento espontâneo, ou seja, se reproduz facilmente. Sua principal composição é ácido graxo (ácido ricinoléico) que pode ser utilizado como biocombustível, e ainda participa na composição de cosméticos, tintas, colas, pigmentos, cabo de telefonia, resinas, peças automotivas entre outras aplicabilidades (COSTA; OLIVEIRA; PIRES, 2015).

O melhoramento genético tem possibilitado a resolução de variados problemas intrínsecos a essa cultura, destacando-se: o acréscimo na produtividade, a elevação do teor do óleo na semente, redução do porte da planta que simplifica a colheita mecânica, aumento da resistência à algumas doenças, decréscimo do grau de deiscência do fruto que proporciona melhor aproveitamento no campo e diminuição do número de colheitas (MILANI, 2009).

Os programas de melhoramento são subsidiados pela divergência genética que apresenta dados dos genótipos, através de comparações de dissimilaridade obtidos por meio das suas variáveis, possibilitando a identificação de genitores de boa performance utilizados em procedimentos de hibridação.

O material genético pode ser classificado por meio de estudo da divergência genética, trata-se de um método utilizado para identificação de combinações híbridas relacionado ao elevado efeito heterótico e maior heterozigose, resultando em maior probabilidade de melhorias de genótipos superiores em populações segregantes (MILANI; DANTAS; MARTINS, 2009).

Os programas de melhoramento genético com a mamona podem estimar a variabilidade genética, que é de extraordinária importância, não só

por fomentar a seleção, mas também, por causa da degenerescência varietal que interfere nos rendimentos agrícolas e industriais. A avaliação genética da planta pode ser realizada por meio de marcadores genéticos, considerando procedimentos preditivos a partir de marcadores moleculares que promovem a aceleração da obtenção de genótipos desejáveis e podem estar associados a locos que produzem atributos interessantes que não tem influência das variações ambientais (MACHADO et.al., 2016).

Os marcadores de microssatélites (SSR) destaca-se entre os marcadores moleculares mais utilizado na determinação da divergência genética de plantas, trata-se de Sequências Simples Repetidas, associados a locos que caracterizam as propriedades interessantes, de característica co-dominante, possui a natureza altamente polimórfica que permite distinguir claramente os homocigotos dos heterocigotos, ou seja, elevada especificidade; também possui fácil reprodutibilidade e interpretação. Vale a pena lembrar, que ainda são escassas as pesquisas sobre variabilidade genética utilizando marcadores SSR em populações de mamoneira (GUIMARÃES et al., 2018).

A utilização dos SSR permite amplificar regiões específicas do DNA, colaborando para elevada cobertura do genoma, como também para maior relação nos resultados referente à similaridade ou divergência genética interpopulacionais (DUTRA FILHO et al., 2013). Além de possibilitar a compreensão de como é originada e conservada a diversidade genética dentro e entre populações, bem como, quantificar as extensões de fluxo gênico por meio de pólen e sementes e também a quantificação do fluxo gênico histórico e atual (MORENO et al. 2009).

Entre essas vantagens quanto ao uso dos SSR, tem também a possibilidade de detecção da existência de reprodução assexuada em populações naturais e o modo como este pode modificar as estimativas dos índices de diversidade genética e estrutura, objetivando aperfeiçoar as táticas de conservação, e como desvantagens pode destaca-se o alto custo de seu processamento, bem como, sua complexidade de desenvolvimento, pois, demanda o isolar, clonar, sequenciar e caracterizar o loci na espécie a ser estudada, (VAZQUEZ-LOBO; MORALES, 2014).

Diante do exposto, o objetivo do estudo foi utilizar marcadores do tipo SSR (Sequências Simples Repetidas), para analisar a variabilidade genética

dentro de cinco famílias e identificar aqueles genótipos com distintos perfis de DNA associados a um maior teor de óleo.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido entre os meses de maio a dezembro de 2018, com regularidade de chuva, temperatura e umidade, na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBio) do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas – Bahia, situado no Recôncavo Baiano, e estabelecido entre as coordenadas geográficas de 12° 40' 19" latitude sul, 39° 06' 23" de longitude oeste de Greenwich e altitude média de 220m. O clima da região é classificado com subúmido, apresentando para o ano de estabelecimento do experimento, conforme CLIMATEMPO (2019), umidade relativa do ar oscilando entre 70 a 88 com média de 81%, pluviosidade média anual de 996 mm, observando-se variações da ordem de 900 a 1.300 mm, sendo os meses de março a agosto os mais chuvosos e de setembro a fevereiro os de menor intensidade. A temperatura média anual ficou estabelecida em 24,1°C (Figura 2), sendo a região caracterizada por apresentar solo classificado como Latossolo Amarelo álico coeso, de textura argilosa e relevo plano (RIBEIRO et al., 1995).

Os genótipos foram obtidos a partir de cruzamentos direcionados entre parentais que apresentam características (florescimento, estatura, número e peso de sementes por planta, peso de 100 sementes e teor de óleo nas sementes) contrastantes, e de interesse para o programa de melhoramento genético da mamoneira mantido pelo NBIO/UFRB, sendo eles: UFRB₃₆, UFRB₁₂₂, UFRB₁₆₀, UFRB₁₇₆, UFRB₁₉₃, UFRB₂₄₈ e UFRB₂₅₅, que após os cruzamentos direcionados originaram as famílias: F01 (UFRB₁₇₆ / UFRB₂₄₈), F02: (UFRB₂₅₅ / UFRB₁₂₂), F03: (UFRB₁₇₆ / UFRB₁₉₃), F04: (UFRB₃₆ X UFRB₁₇₆) e F05: (UFRB₁₆₀ X UFRB₁₇₆). Realizados os cruzamentos, as sementes originadas foram plantadas individualmente e por família, obedecendo ao espaçamento de 2 metros entre fileiras e 0,80 m entre plantas, com densidade de 10 plantas por fileira, com um total de 120 plantas por família.

Determinação do teor de óleo por ressonância magnética nuclear (RMN)

Para a análise do teor de óleo por RMN, foi avaliada uma amostra de 100g de sementes em média, retiradas ao acaso do total de sementes produzidas por cada genótipo de mamoneira, a semente é depositada num tudo de ensaio, e posteriormente levado para leitura direta no equipamento SpecFit. Os dados das amostras de cada um dos genótipos, após as análises de teor de óleo, foram arquivados em software e posteriormente, feita a calibração utilizando-se espectrofotômetro de refletâncias no infravermelho proximal (NIR), utilizando o aparelho da marca SpecFit da Fine Instrument Technology

Extração do DNA genômico

O DNA genômico foi extraído segundo protocolo descrito por Murray & Thompson (1980) modificado. Para tanto, identificou-se previamente as plantas que seriam feitas coletas no campo experimental do NBIO com ajuda do croqui da área, em seguida elaborou-se etiquetas de identificação para as plantas, e na coleta foram escolhidas folhas jovens e saudáveis procedendo-se da seguinte maneira: com luvas descartáveis e utilizando tesoura esterilizada foram cortadas cerca de 300mg da área foliar e acondicionadas em papel alumínio, que etiquetado foi acondicionado dentro de isopor com gelo, sendo logo após encaminhadas ao Laboratório de Biologia Molecular do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da UFRB.

As folhas foram lavadas com água destilada, secas em papel absorvente e encaminhadas para maceração em nitrogênio líquido com o auxílio de almofariz, sendo transferidas para microtubos que em seguida foram adicionados com solução tampão de extração (CTAB 2%; NaCl 1,4M; Tris-HCl 100mM (pH 8,0); EDTA 20mM pH 8,0; polivinilpirrolidona 2% MW10000; β -mercaptoethanol 2% e água ultra-pura q.s.p.). As amostras foram homogeneizadas e incubadas em banho-maria durante 60 minutos a 65°C, sendo homogeneizadas a cada 15 minutos. Um total de 700 μ l da mistura de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1) foi adicionado às amostras, em seguida

as amostras foram homogeneizadas por 5 minutos e centrifugadas durante 10 minutos a 10000 rpm em centrífuga refrigerada e o sobrenadante foi recuperado e transferido para novos tubos pré-identificados.

Foram adicionados 600µl de álcool isopropílico (gelado), ficando à proporção de 1:1 do volume coletado, para precipitação do DNA. Posteriormente, as amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 10000rpm, e o isopropanol descartado com recuperação do DNA precipitado. Logo após, o precipitado foi solubilizado em 100µl de tampão TE contendo dois microlitros de RNase ($10\text{mg}\cdot\text{ml}^{-1}$), sendo as amostras incubadas em banho maria à 37°C por 30 minutos, em seguida foi adicionado 20 µl de acetato de sódio 3M + 200 µl de etanol absoluto, ambos gelados, sendo incubado a -20°C/20 min. Por fim, as amostras foram centrifugadas a 10000 rpm e em seguida lavadas com um mL de etanol 70%, centrifugando por três minutos à 6000 rpm, repetindo-se esse mesmo processo mais uma vez. O sobrenadante foi descartado e os microtubos contendo o precipitado permaneceram por duas horas a temperatura ambiente, para secagem. Após seco, o precipitado foi ressuscitado em 100 µL de TE com 2 µL de RNase (10 mg/ml) e incubado em banho-maria a 37°C por uma hora. Findo esse tempo, as amostras foram armazenadas em freezer a -20°C.

Quantificação do DNA e preparação das amostras

Foram feitas avaliações da qualidade e quantidade do DNA extraído, utilizando-se 5 µL do DNA diluído em 5 µL de solução corante de azul de bromofenol e glicerol (25% e 30%, respectivamente). Em seguida, as amostras foram submetidas à eletroforese em gel de agarose a 1,0 %, contendo brometo de etídeo, em tensão constante de 80 V por uma hora. A quantidade de DNA foi avaliada por análise comparativa entre o DNA extraído de cada amostra e um DNA de concentração conhecida (DNA lambda-Invitrogenv- λ com concentração de 200 e 400 ng) em transluminador de UV e fotodocumentados por sistema digital VilberLourmat. Após quantificação, as amostras foram diluídas em tampão TE para ajustar as suas concentrações para condição de trabalho (5ng/µL).

A diluição do DNA foi feita com água, utilizando-se o cálculo a seguir: $C_1 \times V_1 = C_2 \times V_2$ Onde: C_1 = Concentração do DNA estimada no gel. V_1 = Volume de água a ser adicionado para concentração de trabalho (5ng/μL). C_2 = Concentração do DNA para trabalho (5ng/μL). V_2 = Volume estipulado de DNA para trabalho (200μL).

Após a diluição o DNA foi quantificado em gel de agarose 1% utilizando DNA λ com concentração de 50, 100 e 200ng (total) como comparativo e os ajustes e requantificação foram feitos quantas vezes necessário até a obtenção da concentração de 5ng/μL. Procedendo o processo para visualização conforme comentado anteriormente.

Reações e amplificação da PCR

Para amplificação das regiões SSRs, foram utilizados 30 pares de iniciadores, sendo 20 desenvolvidos por Bajay et al. (2009, 2011) e 10 por Machado & Silva (2013). As reações de amplificação foram preparadas em volume final de 25 μL. Cada reação conteve 3 μL de DNA genômico (5 ng/μL), 2,5 μL de tampão da enzima 10 X (100 mM Tris-HCl, pH 8,4 e 500 mM KCl), 0,8 μL de dNTP mix (2,5 mM de cada), 0,65 μL de MgCl₂ (50 mM), 0,5 μL de cada iniciador (*forward e reverse*, 20 mM), 0,2 μL de Taq DNA polimerase (5 U/μL - Invitrogen) e água ultra-pura q.s.p. A PCR foi feita em um termociclador Biocycler MJ96+ /MJ96G (Applied Biosystems do Brasil Ltda., São Paulo, SP) programado para cinco minutos a 94 °C para desnaturação inicial do DNA, seguida por 35 ciclos de um minuto a 94 °C, um minuto com temperaturas entre 60 e 64 °C a depender do par de iniciador (Tabela 2) e 1 minuto a 72 °C. O ciclo final foi seguido por uma extensão de dez minutos à 72 °C.

Seleção dos iniciadores SSR

Foram testados 30 iniciadores SSR em DNA genômico de cinco acessos de mamoneira, sendo iniciadores já utilizados por diversos outros autores em *Ricinus communis L.* (Bajay et al., 2009, 2011; Machado e Silva (2013); Machado et al. 2016). O critério de seleção foi a avaliação da nitidez dos

fragmentos amplificados. Apenas os oligonucleotídeos que exibiram boa resolução foram selecionados para a etapa de amplificação, por esse motivo dos 30 iniciadores testado apenas 17 deles se mostraram mais efetivos.

QUADRO 1: Iniciadores SSRs desenhados a partir de sequências do genoma de *Ricinus communis* depositadas no GenBank/NCBI. Tabela 1: Pares de iniciadores microsatélites – SSR para *Ricinus communis* L.

Denominação	Sequência 5'-3'	Ta	%CG	Motivo	Amplitude	Autor
RcoM 03	F: ATGACCCCTTTGATGTGCTC R: GGCAGGTTTTGGACTCGTTA	62	50,0 50,0	(TA) ₁₈ (AATAAA) ₂	234	Machadao et al. (2013)
RcoM 08	F: GCTATCCACATTGGTTCCCT R: AAGTTTTGGTGATGGCTGCT	63	50,0 45,0	(GAA) ₅	237-365	Machadao et al. (2013)
RcoM 07	F: CGGGTGAGAAGCAAGAGAAG R: TACAAGCCAAATAGTGCCCC	63	55,0 50,0	(TTAATT) ₃	213-225	Machadao et al. (2013)
RcoM 15	F: ATGGAGGTCTTGTGAGGTGC R: AGCCCTTCCTTGTAGTTTTG	62	55,0 47,62	(GAA) ₅	105-106	Machadao et al. (2013)
RcoM 22	F: TTCACCCGCTATTCTCAACC R: CTCAACGACTTCCCTCCAAA	62	50,0	(ACT) ₅	113-118	Machadao et al. (2013)
RcoM 24	F: ACTTCATTGCCCTTGGACAC R: TTAGGGAGATTGAGGACTGATG	63	50,0 45,45	(AT) ₁₀ (TG) ₇	214-221	Machadao et al. (2013)
RcoM 27	F: TCAAGTGACAAAGGACACATCT R: GTGACAGAATCAGCCTAAACC	63	40,91 47,62	(AG) ₂₀	251-330	Machadao et al. (2013)
RcoM 28	F: TTGGGTGTTATCCTCATTCC R: GGAGAAGAAGAAAGAAAAGGTG	63	45,0 40,91	(GAA) ₆ (AGA) ₅ (AAG) ₆	201-208	Machadao et al. (2013)
RcoM 30	F: TCCAAAATATAAGCCCTGCC R: TGGTCTGTTCTAAGCAATCCC	63	45,0 47,62	(CT) ₁₇ (TA) ₂₅	436-439	Machadao et al. (2013)
Rco 23	F: CATGGATGTAGAGGGTCGAT R: CAGCCAAGCCAAAGATTTTC	62	47,5	(GA) ₁₅ (AG) ₈	240-260	Bajay et al. (2010)
Rco 40	F: AACTGGATAAAGGGTATTTGG R: GCTTTTTGGTAGCAGGTTTGA	60	41,9	(TC) ₅ (CT) ₇	84-90	Bajay et al. (2010)
Rco 05	F: AGCCCAGAAATTGGAAAAGA R: CAAACCCAAGCAAACCTCA	60	43,7	(TG) ₆ (GA) ₂₂ (GAA) ₄	264-280	Bajay et al. (2010)
Rco 06	F: GGGTGAAAATGAAGAGATTGG R: ATAACCCGTGAAGCATGGAC	60	45,0	(TG) ₁₁	266-306	Bajay et al. (2010)
Rco 11	F: GCGTGGACTAACTTCAAGCA R: CCCCATTAGCATCGAGAAAG	60	50,0	(TC) ₁₀ (GT) ₆	240-250	Bajay et al. (2010)
Rco 12	F: AAGACTGCACCTCCTCCTA R: TGCTGGAACAAACCTGATA	60	48,8	(TG) ₈ (GA) ₆	220-224	Bajay et al. (2010)
Rco 15	F: CACGCACGTTAAAGCAAACCT R: GCGAAGAAACCAAATGGAG	60	45,0	(AG) ₁₈	220-230	Bajay et al. (2010)
Rco 20	F: CCAAAGGAATGTGGGACTC R: TGTGGAGAGGATGAAGAGGAA	60	48,8	(TC) ₂₃	300-320	Bajay et al. (2010)

Amplificação do DNA

A leitura do gel foi feita mediante a identificação dos loci polimórficos e estimativa do tamanho dos fragmentos por pares de bases (pb) para cada linhagem. O tamanho dos fragmentos foi determinado com base no ladder de 100 pb.

Análise de Dados

Para os dados moleculares as estimativas das frequências alélicas, número de alelos por loco, heterozigosidade esperada (H_e), heterozigosidade observada (H_o), conteúdo de informação polimórfica (PIC - *Polymorphic information content*), coeficiente médio de endogamia (F) foram obtidos com auxílio do programa MolKin versão 3.0.

A genotipagem foi feita convertendo-se os dados obtidos a partir da amplificação dos marcadores SSR em código numérico por loco para cada alelo. Foram atribuídos valores de um até o número máximo de alelos encontrados por loco. Por meio dessa codificação determinou-se a matriz de distância numérica.

A divergência genética foi realizada por meio da análise conjunta dos marcadores moleculares com o caractere quantitativo teor de óleo na semente (TOS). Para determinação da dissimilaridade entre os genótipos foi utilizado o coeficiente descrito por de Gower (1971), os agrupamentos hierárquicos dos acessos foram obtidos pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method With Arithmetic Averages), a validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética (SOKAL e ROHLF, 1962) entre as matrizes de dissimilaridade e agrupamento e sua significância calculada pelo teste de Mantel com 10000 permutações (MANTEL, 1967). Todos os resultados foram obtidos por meio dos recursos computacionais dos programas: R® 2.6.2 (<http://www.r-project.org>), STATISTICA, versão 7.1 e Genes (CRUZ, 2008) respectivamente.

Uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

sendo: K é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots$; p =número total de características avaliadas); i e j , dois indivíduos quaisquer; W_{ijk} é um peso dada a comparação ijk , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos); S_{ijk} é a contribuição da variável k na similaridade entre os indivíduos i e j , possuindo valores entre 0 e 1. Para uma variável nominal, se o valor da variável k é a mesma para ambos os indivíduos, i e j , então $S_{ijk} = 1$, caso contrário, é igual a 0; para uma variável contínua $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$ em que x_{ik} e x_{jk} são os valores da variável k para os indivíduos i e j , respectivamente, e R_k é a amplitude de variação da variável k na amostra. A divisão por R_k elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais.

Os agrupamentos hierárquicos dos genótipos foram feitos pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962). O programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2006) foi utilizado para as análises de distância genética, de agrupamentos hierárquicos e de correlação cofenética. A significância da correlação cofenética foi calculada pelos testes t e de Mantel (1.000 permutações).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A busca por óleo vegetal de qualidade sempre foi preponderante, por exercer uma grande importância no cenário mundial, devido ao apelo por geração de energias limpa, além do uso nos mais variados setores industriais. Dessa maneira, o óleo de mamona lidera como um dos principais óleos na fabricação do biodiesel. Assim, avaliar e analisar o teor de óleo em plantas de mamona é fator importante para estabelecimento de população base. -tirar

A variação existente entre os genótipos considerando o teor de óleo apresentaram valores médios de 43,09 a 46,36%, (Figura 1 – 5). O teor de óleo relatados neste estudo são similares aos relatados por Santos (2013), em

populações avançadas (F4:F5 e F5:F6) onde encontrou uma variação de 39,10 a 57,48% com média entre as plantas de 52,14%. Oliveira Neto et al. (2019), avaliando 50 acessos de mamona pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Estadual Paulista, proveniente de estados brasileiros, encontraram sementes com teor de óleo variando de 50,2% a 50,8%.

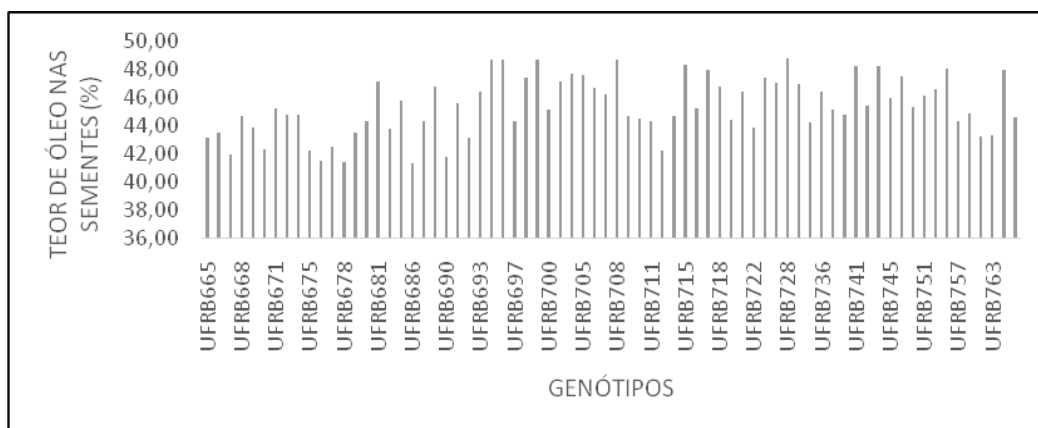


Figura 1 – Teor de óleo dos 73 genótipos da Família 01, expresso em percentuais.

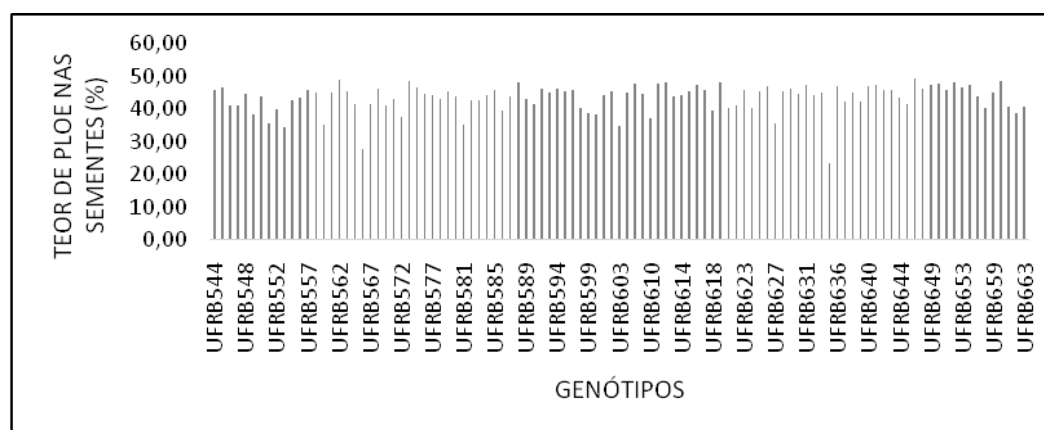


Figura 2 – Teor de óleo dos 98 genótipos da Família 02, expressos em percentuais.

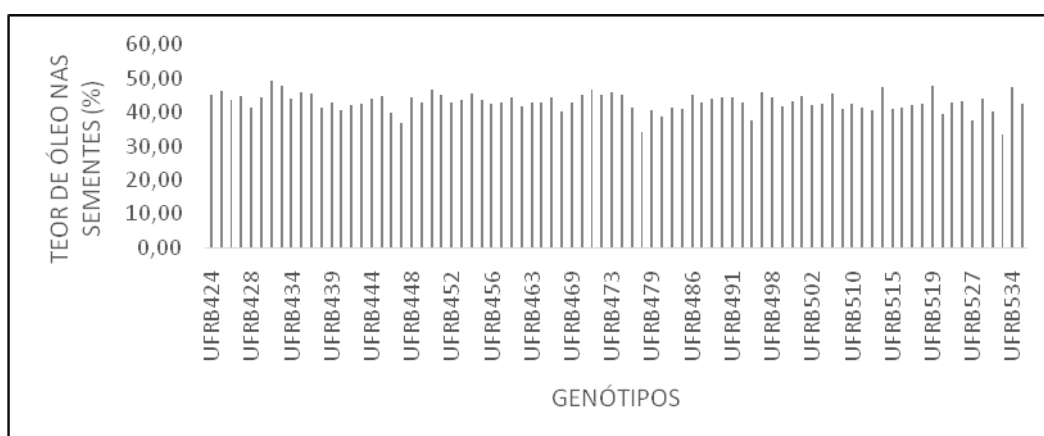


Figura 3 – Teor de óleo dos 82 genótipos da Família 03, expressos em percentuais

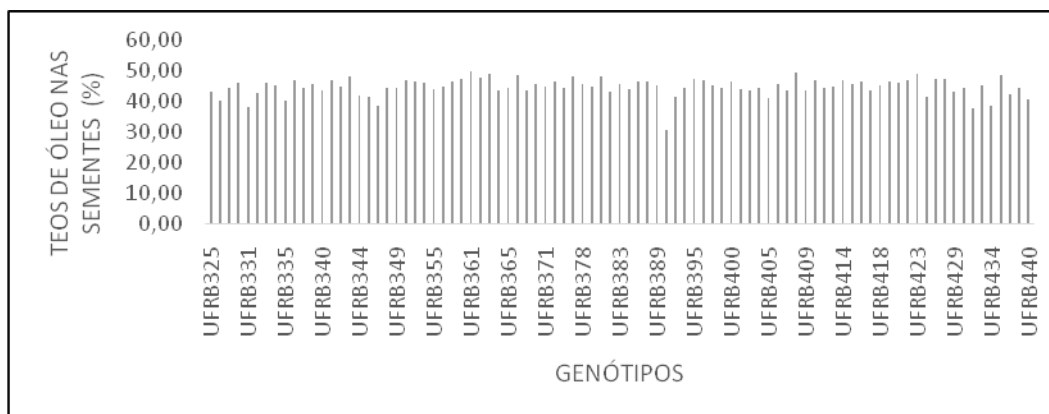


Figura 4 – Teor de óleo dos 73 genótipos da Família 04, expressos em percentuais.

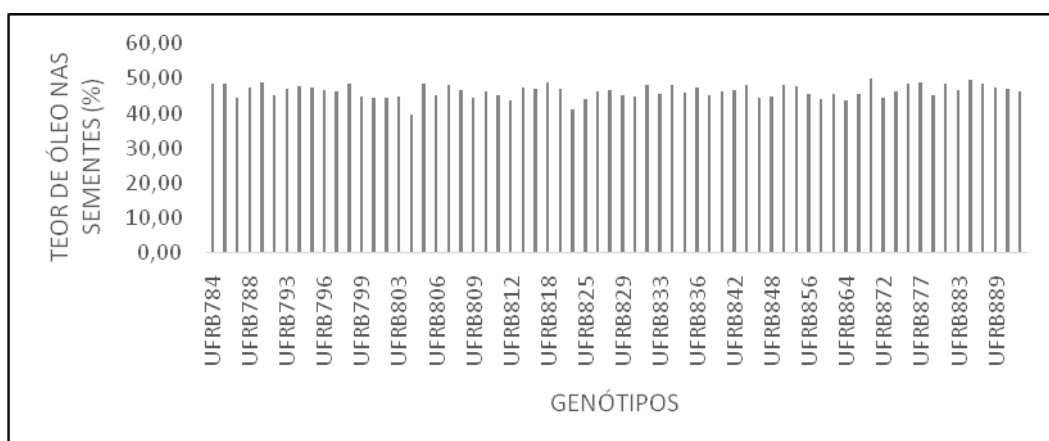


Figura 5 – Teor de óleo dos 71 genótipos da Família 05 expressos em percentuais.

Para Jellum et al. (1973), o teor de óleo é mais dependente do material genético do que do ambiente. Em vista disso, Severino et al. (2006) afirmam que a cultivar BRS Energia apresenta teor de óleo próximo de 48% nas suas sementes, e de posse dessas informações, Nobre et al. (2012), ao avaliar o efeito da irrigação sobre a cultivar BRS energia, comprova que não houve incremento no teor de óleo, obtendo resultados dentro dos limites para a cultivar. O teor de configura-se como uma das características mais importantes por se tratar do produto de maior demanda dentro da cultura, pelo valor atribuído quando da sua produção, sendo então, um dos critérios utilizados para selecionar genótipos superiores (SAVY FILHO et al., 1999; FREIRE et al., 2007; MILANI et al., 2009).

Os resultados obtidos na análise das cinco Famílias de mamoneira revelaram que polimorfismo nos 17 pares de primers SSR utilizados neste estudo. A amplitude dos fragmentos observados na Família 01, variou de 249 a 356 pb para o marcador Rco12 e de 250 a 425 pb no marcador RcoM28. Na

Família 02, o marcador RcoM15 revelou variação de 171 a 314 pb e para o RcoM30 essa variação foi da ordem de 247 a 394 pb. Os marcadores Rco23 e RcoM28 de 193 a 340 pb e 260 a 435 pb, respectivamente na Família 03. Na Família 04, o marcador RcoM15 apresentou fragmentos de 214 a 303 pb e RcoM28 de 230 a 425 pb. Os marcadores RcoM28 e RcoM15 foram os responsáveis por indicar variação da amplificação, respectivamente, de 208 a 291 pb e 250 a 371 pb na Família. Os perfis eletroforéticos revelados pelos marcadores RcoM15, RcoM07, RcoM08, RcoM06, Rcom24, Rco15, Rco40 e Rco05, Rco12, RcoM28, Rco23, Rco05, RcoM03 e Rco30 para cinco genótipos da Família 01, são apresentados na Figura 6, na qual o marcador RcoM07 (A) além detectar perfis homocigotos, apresenta polimorfismo, quanto ao marcador Rco05 (B), revela heterocigotos e monomórficos que ainda identificou heterocigotos.

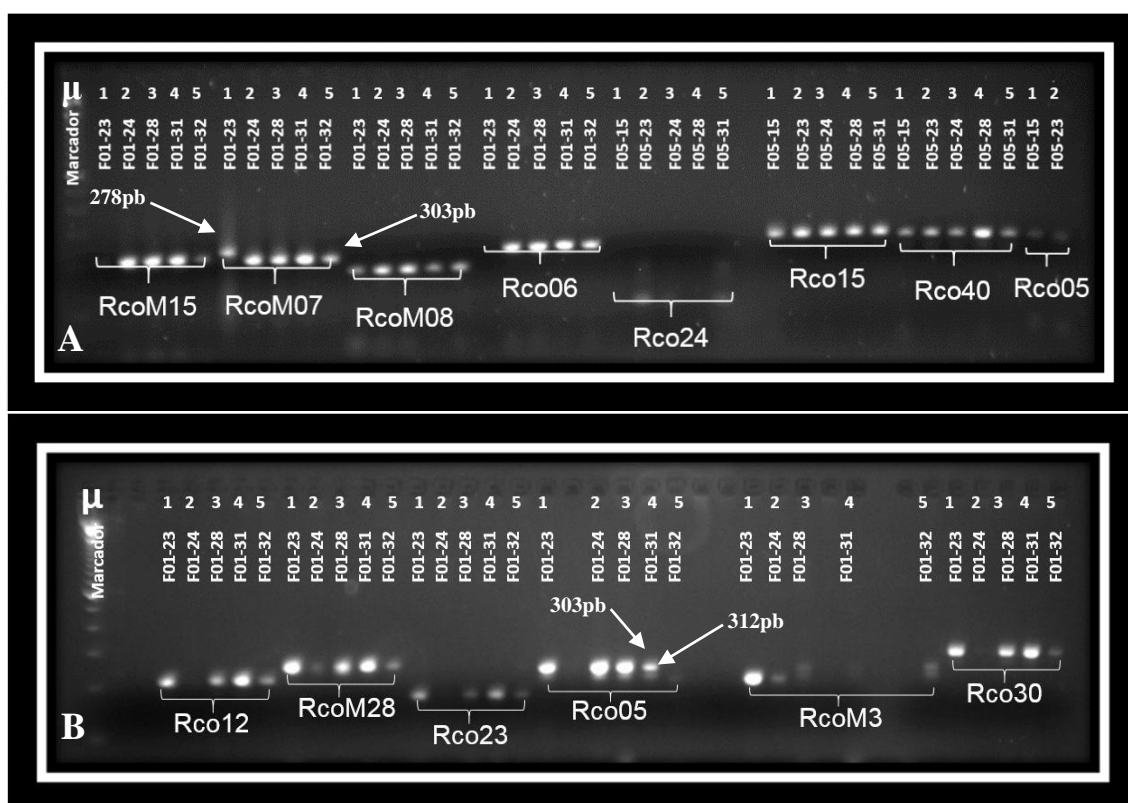


Figura 6. (A) Padrões eletroforéticos de fragmentos de DNA amplificados (SSR), para cinco genótipos da Família 01, e (B) marcadores Rco12, RcoM28, Rco23, Rco05, RcoM03 e Rco30.

As frequências alélicas para cada marcador SSR (Tabela 1), possibilitaram observar que os maiores valores foram de 0.714 (alelo 425, do marcador RcoM28 na Família 04); 0.725 (alelo 265, do marcador Rco20 na

Família 04); 0.555 (alelo 324, do marcador RcoM03 na Família 03); 0.526 (alelo 267, do marcador Rco24 na Família 04); 0.455 (alelo 277, do marcador Rco05 na Família 04); 0.470 (alelo 277 do marcador Rco40 na Família 04); 0.417 (alelo 346, do marcador RcoM30 na Família 04); 0.271 (alelo 287, do marcador Rco12 na Família 05); 0.250 (alelo 312, do marcador Rco23 na Família 05).

Tabela 1. Frequências alélicas para cada marcador (loco) estudado em 5 Famílias de mamoneira

Marcador	Alelos (pb)	Frequências Famílias					Marcador	Alelos (pb)	Frequências Famílias				
		F01	F02	F03	F04	F05			F01	F02	F03	F04	F05
Rco12	200	-	-	0.094	-	-	Rco 20	222	-	-	0.088	-	-
	205	-	-	0.057	-	-		230	-	-	-	0.073	-
	206	-	-	0.094	-	-		246	-	-	-	0.022	-
	230	-	-	-	0.085	-		250	0.139	-	-	0.015	-
	249	0.050	-	-	-	-		256	-	-	-	0.073	-
	250	0.017	-	0.009	0.009	-		263	0.077	-	-	0.015	0.071
	259	0.017	-	0.104	0.178	-		265	-	-	-	0.725	-
	261	-	0.083	-	-	-		277	-	-	0.140	0.087	-
	263	-	0.083	-	-	-		279	0.031	-	-	-	-
	265	0.050	0.067	-	0.102	-		280	-	-	-	0.145	-
	266	-	0.017	-	-	-		285	0.062	0.052	-	0.036	-
	267	-	0.083	-	-	-		287	-	-	-	-	0.089
	269	-	0.017	0.057	0.034	-		288	-	0.138	0.080	0.073	-
	270	-	0.083	-	-	-		289	-	0.069	-	-	-
	271	-	-	-	0.169	0.074		291	0.039	0.017	0.140	0.029	-
	272	-	-	0.094	-	-		293	0.046	0.034	-	0.029	-
	274	-	0.083	-	-	-		296	0.015	0.035	-	0.036	0.036
	275	-	0.110	-	-	-		297	-	-	0.054	-	-
	277	0.083	0.083	-	0.085	-		300	-	0.043	0.088	0.145	0.107
	280	0.083	-	-	-	-		304	0.039	0.086	0.072	-	-
	283	-	-	-	0.085	-		307	-	0.189	-	-	-
	285	-	0.083	-	-	-		308	-	-	-	-	0.036
	287	-	-	0.094	-	0.277		309	-	0.086	-	-	-
	288	-	-	-	0.034	-		310	-	-	-	-	0.071
	290	-	-	0.038	-	-		312	0.046	0.017	-	0.116	0.089
	291	0.117	0.017	-	-	-		313	0.062	-	-	-	-
	293	0.017	-	-	0.017	0.018		315	-	0.017	-	-	-
	294	0.167	-	-	-	-		316	0.092	-	0.087	-	0.107
	296	0.117	-	-	0.034	0.037		318	-	-	0.070	-	-
	298	0.033	-	-	-	-		320	-	0.138	-	-	-
	300	-	-	-	-	0.092		322	0.062	-	-	-	0.196
	303	0.050	-	-	0.237	0.092		324	-	-	0.075	-	-
	304	-	-	-	0.085	-		327	0.077	-	-	-	-
	312	0.067	-	-	-	0.203		328	-	-	-	-	0.196
	315	-	-	0.057	-	-		333	-	-	0.088	0.022	-
319	0.017	0.033	0.020	-	-	340	0.031	-	-	0.015	-		
320	-	0.066	-	-	-	344	0.077	-	-	-	-		
322	-	-	0.075	-	-	352	0.015	0.034	0.017	-	-		
326	-	0.083	-	-	-	354	0.092	0.043	-	-	-		
327	-	-	0.094	-	-	171	-	0.035	0.018	-	-		
328	-	-	-	-	0.056	193	-	-	0.090	-	-		
340	-	-	0.113	-	-	234	-	-	-	0.024	0.100		
354	0.067	-	-	-	-	238	0.104	-	-	-	-		
356	0.050	-	-	-	-	241	-	0.018	0.050	0.048	-		
Rco23	193	0.05	0.015	0.038	-	-	250	0.021	0.316	-	0.381	-	
	205	-	-	0.151	-	-	256	-	0.044	-	-	0.100	
	208	0.068	-	-	-	-	258	-	0.017	0.091	-	-	
	212	-	0.076	-	-	-	261	-	0.035	-	-	-	
	214	-	-	-	0.085	-	263	-	0.044	-	-	-	
	222	-	-	0.094	-	-	264	-	-	-	0.095	-	
	236	-	-	-	0.085	-	265	-	-	0.036	0.119	-	
	247	0.023	-	-	-	-	266	-	0.088	-	-	-	
	250	0.011	-	0.009	0.009	-	269	0.083	-	0.145	-	-	
	259	0.011	-	0.009	0.009	-	272	-	-	-	-	0.125	
269	-	-	-	0.085	-	277	0.104	-	0.260	0.476	-		
271	-	-	-	0.169	0.091	279	0.042	-	0.090	-	0.125		
274	-	0.060	-	-	-	282	-	0.087	-	-	-		

	319	0.014	0.033	0.019	-	-							
	320	-	-	-	-	0.186							
	322	0.057	-	-	-	-							
	328	-	-	-	-	0.068							
	333	-	-	-	0.061	-							
	354	0.086	-	-	-	-							

Para os alelos de menor frequência, a variação foi de 0,007 (alelo 296, do marcador Rco15 na Família 01); 0.02 (alelo 294, do marcador Rco11 na Família 02); 0.008 (alelo 380, do marcador Rco06 na Família 01); 0.008 (alelo 326, do marcador Rco06 na Família 04); 0.001 (alelo 287, do marcador Rco24 na Família 03); 0.016 (alelo 279, do marcador RcoM22 na Família 01); 0.018 (alelo 300, do marcador RcoM15 na Família 01); 0.008 (alelo 250, do marcador Rco23 na Família 04); 0.009 (alelo 250, do marcador Rco12 na Família 04); 0.009 (alelo 340, do marcador Rco20 na Família 04); 0.017 (alelo 375, do marcador Rco40 na Família 02); 0.005 (alelo 347, do marcador RcoM03 na Família 02); 0.008 (alelo 315, do marcador Rco08 na Família 03); 0.008 (alelo 380, do marcador Rco06 na Família 01); 0.015 (alelo 326, do marcador RcoM27 na Família 01); 0.026 (alelo 311, do marcador Rco01 na Família 01); 0.016 (alelo 369, do marcador RcoM30 na Família 01).

Estes resultados evidenciam que, se não forem realizadas novas recombinações, ou seja, novos cruzamentos entre os indivíduos, esses alelos que apresentaram maiores frequências, terão uma maior possibilidade de permanecerem ou se fixarem na população inicial, ou população base do melhoramento. Dessa maneira, é imprescindível avaliar a importância da manutenção elevada desses alelos ou de avaliar novas recombinações, objetivando o aumento da diversidade genética conseguindo uma diminuição nas frequências destes alelos. Foram detectados 246 alelos para os 73 genótipos da Família 01, sendo que o número de alelos variou entre locos de 8 (Rco11) a 21 (Rco06), com média de 15 alelos/loco (Tabela 2). O número efetivo de alelos por locos foi muito menor do que o número de alelos totais por locos, variando de 7 (Rco11) a 14 (RcoM06), com média de 11 alelos efetivos por loco, comportamento semelhante foi observado em todas as Famílias avaliadas (Tabela 1).

Os 98 genótipos da Família 02, revelaram 282 alelos, variando de 7 (Rco11) a 25 (Rco05) alelos, com média de 16,58 alelos/loco, e número efetivo de alelos variando de 5 (Rco11) a 18 (Rco05) com média de 11 alelos/loco. Já

para a Família 03 um total de 232 alelos foram levantados, variando de 8 (RcoM30) a 18 (Rco05) alelos, apresentando valor médio de 13 alelos/loco, mas com valores efetivos de alelos variando entre 5 (RcoM30) e 12 (Rco05, Rco12 e RcoM03) com média de 10 alelos/loco.

Para os 73 genótipos da Família 04, foram identificados 221 alelos com variação de 5 (RcoM30) a 17 (Rco05) alelos com média de 13 alelos/loco, e alelos efetivos foi de 3 (RcoM30) e 13 (RcoM07) alelos, com média de 9 alelos/locos.

Na Família 05, foram detectados 170 alelos, para os 69 genótipos avaliados, variando de 5 (RcoM05) a 12 (RcoM22, Rco05, Rco06, Rco15, RcoM07 e RcoM27) alelos, com média de 10,00 alelos por loco, sendo que efetivos foram revelados de 3 (RcoM28) a 13 (RcoM08) com média de 7 alelos/loco.

A diferença existente entre o número de alelos totais e efetivos indica que parte dos alelos podem ser raros ($p < 0,05$) ou têm baixa frequência ($0,05 > p < 0,25$). Galova et al. (2015) usando 10 primers da série Rco, em 60 genótipos de mamoneira, detectaram 67 alelos variando de 4 (Rco15) a 9 alelos (Rco05) com um valor médio de 6,70 alelos/locus. Maurya e Yadav (2016), avaliando a heterozigosidade em pinhão manso, com marcadores SSR, avaliaram 56 primers SSR, obtendo 18 polimorficos, obtendo uma variação alélica de 2 a 9 com média de 3,56 alelos/locos. Brasileiro (2014), obteve um total de 119 alelos, com média de 3,31 alelos por loco em mamona, sendo os resultados semelhantes aos encontrados por Machado (2011). Já Diamantino (2012), testando 53 iniciadores encontrou 279 alelos com média de 5,58 alelos por loco. Sakure et al. (2012), usaram 20 marcadores SSR da série SSRY, e apenas 10 foram suficientes para detectar um total de 353 alelos, sendo 309 polimórficos, e média de 9,8 alelos/loco.

A estrutura de uma população está condicionada à frequência com que os alelos se manifestam nos diferentes locus dos genótipos que a compõe. As variações que ocorrem na distribuição das frequências alélicas entre genótipos, tendem a demonstrar diferentes estruturas da população. Dessa maneira, tem possibilidade de deduzir que a constituição genética da população sofre diversas ações, dentre elas, mutação, deriva genética e cruzamentos direcionados. Entender os efeitos que contribuem para uma maior diversidade

genética da população é imprescindível na tomada de decisão quanto ao melhoramento genético da espécie. Assim, estimar os parâmetros como o conteúdo de informação polimórfica (PIC), Heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o), endogamia (F), dentre outros, é fundamental melhor compreender as características genéticas dos genótipos avaliados (Cruz et al., 2011).

O número de alelos totais (A) foi maior que o número efetivo de alelos (A_e), revelando uma distribuição desigual de frequências alélicas (Tabela 2). A presença destes alelos explica o fato das famílias estudadas apresentarem valores semelhantes entre Heterozigosidade observada (H_o) e Heterozigosidade esperada (H_e), o que indica baixo nível de endogamia nas famílias avaliadas.

Tabela 2 – Estimativa de parâmetros em 17 marcadores (SSR) para os genótipos de cinco famílias de *Ricinus communis* L. A é o número de alelos por loco; A_e é o número efetivo de alelos por loco; PIC é o conteúdo de informação polimórfica do marcador; H_e é a Heterozigosidade esperada; H_o Heterozigosidade observada; F é o coeficiente de endogamia.

Famílias	Marcadores	A	A_e	PIC	H_o	H_e	F
F01	Rco12	16	11	0.903	0.910	0.867	0.090
	Rco 23	15	9	0.876	0.886	0.678	0.114
	RcoM 15	15	11	0.898	0.906	0.789	0.094
	RcoM 22	15	12	0.910	0.916	0.609	0.084
	Rco 24	9	8	0.857	0.871	0.657	0.129
	Rco 05	18	10	0.895	0.903	0.878	0.097
	Rco 06	21	13	0.919	0.924	0.769	0.076
	Rco 11	8	7	0.849	0.865	0.700	0.135
	Rco 15	16	11	0.901	0.908	0.687	0.092
	Rco 20	17	13	0.920	0.925	0.897	0.075
	Rco 40	11	9	0.878	0.889	0.799	0.111
	RcoM 03	17	13	0.918	0.921	0.854	0.079
	RcoM 07	18	15	0.928	0.932	0.896	0.068
	RcoM 08	20	13	0.916	0.921	0.890	0.079
	RcoM 27	18	14	0.923	0.928	0.888	0.072
RcoM 28	13	10	0.889	0.898	0.790	0.102	
RcoM 30	17	13	0.915	0.920	0.897	0.080	
F02	Rco12	15	13	0.914	0.920	0.800	0.087
	Rco 23	16	12	0.913	0.919	0.899	0.088
	RcoM 15	15	11	0.903	0.910	0.890	0.099
	RcoM 22	18	14	0.925	0.929	0.879	0.076
	Rco 24	12	10	0.892	0.900	0.789	0.111
	Rco 05	25	14	0.924	0.928	0.898	0.078
	Rco 06	23	16	0.934	0.937	0.789	0.067
	Rco 11	7	5	0.747	0.778	0.656	0.286
	Rco 15	14	10	0.897	0.904	0.789	0.106
	Rco 20	15	10	0.889	0.896	0.768	0.117
	Rco 40	14	7	0.839	0.851	0.769	0.175
	RcoM 03	25	18	0.941	0.944	0.989	0.059
	RcoM 07	22	16	0.935	0.938	0.843	0.066
	RcoM 08	25	16	0.932	0.936	0.767	0.068
	RcoM 27	15	9	0.876	0.886	0.657	0.129
RcoM 28	9	6	0.827	0.846	0.543	0.182	
RcoM 30	12	9	0.883	0.892	0.657	0.121	
F03	Rco12	14	12	0.908	0.915	0.767	0.093
	Rco 23	15	11	0.901	0.909	0.876	0.100
	RcoM 15	12	10	0.890	0.899	0.654	0.113
	RcoM 22	13	9	0.885	0.894	0.567	0.118
	Rco 24	11	8	0.857	0.871	0.677	0.149
	Rco 05	18	12	0.912	0.918	0.889	0.089
	Rco 06	16	11	0.903	0.909	0.799	0.100
Rco 11	10	7	0.843	0.859	0.632	0.164	

	Rco 15	14	8	0.867	0.878	0.564	0.139
	Rco 20	13	10	0.896	0.904	0.789	0.106
	Rco 40	14	8	0.868	0.879	0.621	0.138
	RcoM 03	17	12	0.914	0.919	0.898	0.088
	RcoM 07	14	11	0.903	0.909	0.678	0.100
	RcoM 08	16	11	0.904	0.911	0.678	0.098
	RcoM 27	16	11	0.905	0.911	0.899	0.097
	RcoM 28	10	5	0.785	0.806	0.899	0.240
	RcoM 30	8	6	0.806	0.826	0.555	0.210
F04	Rco12	14	8	0.856	0.869	0.788	0.137
	Rco 23	16	11	0.902	0.909	0.898	0.107
	RcoM 15	15	11	0.905	0.912	0.880	0.088
	RcoM 22	15	11	0.897	0.905	0.876	0.101
	Rco 24	10	9	0.873	0.885	0.743	0.130
	Rco 05	17	12	0.909	0.915	0.745	0.088
	Rco 06	16	10	0.896	0.904	0.878	0.106
	Rco 11	9	6	0.802	0.824	0.765	0.214
	Rco 15	15	10	0.894	0.902	0.788	0.096
	Rco 20	16	11	0.903	0.910	1	0.095
	Rco 40	10	5	0.779	0.798	1	0.328
	RcoM 03	12	12	0.912	0.918	0.788	0.090
	RcoM 07	16	13	0.915	0.920	0.899	0.092
	RcoM 08	15	9	0.885	0.895	0.786	0.118
	RcoM 27	13	8	0.871	0.882	0.566	0.134
	RcoM 28	7	4	0.715	0.745	0.456	0.342
RcoM 30	5	3	0.639	0.694	0.546	0.440	
F05	Rco12	10	6	0.812	0.832	0.678	0.202
	Rco 23	11	5	0.776	0.801	0.766	0.146
	RcoM 15	11	8	0.867	0.880	0.564	0.133
	RcoM 22	12	8	0.871	0.882	0.786	0.134
	Rco 24	7	5	0.764	0.794	0.565	0.259
	Rco 05	12	8	0.860	0.873	0.675	0.139
	Rco 06	12	8	0.872	0.882	0.768	0.130
	Rco 11	7	5	0.773	0.799	0.564	0.252
	Rco 15	12	8	0.869	0.881	0.678	0.122
	Rco 20	11	8	0.858	0.871	0.765	0.137
	Rco 40	9	7	0.829	0.846	0.675	0.182
	RcoM 03	10	9	0.875	0.885	0.700	0.130
	RcoM 07	12	9	0.881	0.890	0.679	0.123
	RcoM 08	11	10	0.891	0.898	0.732	0.137
	RcoM 27	12	9	0.874	0.885	0.761	0.129
	RcoM 28	5	3	0.956	0.711	0.612	0.407
RcoM 30	6	5	0.763	0.788	0.564	0.270	

O conteúdo de informação polimórfica (PIC), descrito por Botstein et al. (1980), detecta o polimorfismo existente na população em estudo, sendo classificado como muito informativos (acima de 0.50), medianamente informativo (valores entre 0.25 e 0.50) e pouco informativo (inferior a 0.25). Os marcadores RcoM15, RcoM07, RcoM08, Rco24, Rco15, Rco40, Rco05, Rco12, RcoM28, Rco23, RcoM03, Rco30, RcoM22, Rco06, Rco11, Rco20, RcoM27 (Tabela 2), apresentaram valores superiores a 0.5, sendo portanto, considerados bastante informativos.

O uso dos marcadores moleculares, objetiva analisar a similaridade genética, existente entre os indivíduos e assim, estimar a diversidade nos indivíduos avaliados. Nesse sentido, o PIC apresenta-se com relevada importância, uma vez que ao avaliar o grau de heterozigosidade do marcador (loco), possibilita selecionar aqueles mais informativos. Por outro lado, manifestam maior capacidade em diferenciar as variações genéticas contidas nos indivíduos analisados.

Dessa maneira, os valores de PIC obtidos sugerem que os marcadores empregados foram precisos no estudo da divergência genética das 5 Famílias avaliadas. Valores de PIC, inferiores aos da heterozigosidade esperada (H_e), como pode ser constatada nos resultados dispostos na Tabela 2.

A heterozigosidade observada (H_o) variou de 0.857 a 0.928 na Família 01, de 0.778 a 0.944 na Família 02, de 0.806 a 0.919 na Família 03, de 0.694 a 0.920 para Família 04 e de 0.711 a 0.898 para a Família 05. Sendo que para a Família 1 o marcador RcoM07 apresentou o maior valor de H_o ($H_o=0.932$) e o Rco11 expressou menor valor ($H_o=0.865$); já para a Família 2 o marcador RcoM03 apresentou maior H_o ($H_o=0.944$) e o menor para o Rco11 ($H_o=0.778$); na Família 3 o Rco05 ($H_o=0.918$) apresentou o menor e RcoM28 ($H_o=0.806$) expressou um valor inferior; na Família 4 o maior valor ficou com o RcoM07 ($H_o=0.920$) e o menor RcoM30 ($H_o=0.694$) e para a Família 5 o RcoM08 apresentou maior valor ($H_o=0.989$) e RcoM28 ($H_o=0.711$) o menor valor para a heterozigosidade.

Ao avaliar os marcadores (locos) individualmente, observa-se que os valores de heterozigosidade observada foram maiores em relação à esperada, para todos os locos observados. O resultado está de acordo ao esperado para uma população segregante F2, uma vez que esta apresenta um maior nível de heterozigose. Sendo em alguns casos valores muito próximos, e, portanto, existindo um equilíbrio quanto ao número de heterozigotos e homozigotos, no entanto quando essa diferença é acentuada, maior será o número de homozigotos com maior tendência a fixação dos alelos mais frequentes, sendo possível em cruzamentos posteriores ocorrer cruzamentos entre aparentados e com isso o aumento da endogamia e desequilíbrio da população devido a maior frequência de homozigotos em relação a heterozigotos. Silva et al., (2016), avaliando uma população F4 de mamoneira, encontrou valores de 0.30 para H_o e 0.47 para H_e , resultado esperado para uma população segregante F4, por expressar maior nível de homozigose. Bajat et al. (2011) encontrou valores baixos para H_o (0,0922) em mamoneira. Em estudo realizado por Grattapaglia et al. (2014), usando marcadores SSR em *Pinus taeda* L., os autores observaram a predominância de indivíduos homozigotos para alguns locus. A diferença ocorre, quando se trabalha com populações melhoradas, ou

alvo do melhoramento, na qual sucessivos cruzamentos tendem a levar a ocorrência da diminuição de genótipos em heterozigose.

Tomando os índices de heterozigosidade observada e esperada, foi possível calcular o índice de endogamia ou fixação (f), que variou na Família 1 de 0.09 a 0.135 com média de 0.092; na Família 2 de 0.06 a 0.286 e média de 0.11; Família 3 de 0.08 a 0.240 e média de 0.126; Família 4 de 0.08 a 0.44 com média de 0.159 e Família 5 variando de 0.123 a 0.470 apresentando média de 0.178. A endogamia pode variar de -1 (sem consaguinidade) a +1 (identidade completa), onde os valores positivos indicam a existência de um maior número de homozigotos, com a tendência de população pura, por sua vez os valores negativos indicam a existência de um maior número de indivíduos heterozigotos McManus et al. (2011). Quando estes índices manifestam valores maiores do que zero, possivelmente existirá ocorrência de endogamia entre os indivíduos da população, já valores menores que zero apresentam ocorrência de cruzamento entre indivíduos não aparentados (Barros et al., 2009).

Apesar dos genótipos avaliados serem originados de parentais divergentes para caractere de produtividade, os sucessivos cruzamentos para originarem seus genitores, tendem a aumentar o número de alelos comuns possibilitando a ocorrência de uma maior frequência nas progênes dentro das Famílias.

Para determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos, realizou a análise conjunta dos marcadores moleculares SSRs e os caracteres teor de óleo na semente (TOS). A matriz de distância foi obtida levando em consideração o algoritmo de Gower (1971), já o agrupamento foi feito utilizando o método UPGMA - *Unweighted Pair-Group Method With Arithmetic Averages* (SNEATH & SOKAL 1973).

As correlações cofenéticas entre as matrizes de distância e a matrizes dos agrupamentos foi de 0.765, 0.801, 0.681, 0.771 e 0.691, respectivamente, para as Família 01, 02, 03, 04 e 05. As correlações cofenéticas foram significativas pelo teste de Mantel com 10000 permutações. Partindo da matriz das distâncias genéticas, foi possível elaborar os dendrogramas (Figuras: 8 a 12), delimitando os grupos, de forma empírica, por uma linha, denominada "linha de corte", com valores de 0.15 (Família 01); 0.21 (Família 02); 0.28 (Família 03); 0.20 (Família 04) e 0.22 (Família 05), servindo para separar os

genótipos dentro da cada família, estabelecendo para tanto os diversos agrupamentos. Entende-se que nos agrupamentos formados, estão reunidos aqueles genótipos com maior similaridade genética, existindo uma alta divergência entre os grupos formados.

Na Família 1 os genótipos foram agrupados em 17 grupos distintos com diferentes teores de óleo (Figura 8), possibilitando buscar dentro dos grupos aqueles que congregam genótipos com maiores teores de óleo, sendo os grupos 1, 3, 8, 9, 12, 14 e 16 formados por 6.8% dos genótipos avaliados, já os grupos 5, 7, 11 e 13 foram compostos por 1.37% dos genótipos, os grupos 2 e 15 compostos por 2.74% dos genótipos, os grupos 4 e 17 compostos por 13.7% dos genótipos, o grupo 6 reuniu 8.22% e o grupo 10 formado por 5.84% dos genótipos avaliados, considerando os dados morfoagronômicos para cada uma dos genótipos dentro de cada grupo formado, observa-se que alguns dos caracteres, apresentam uma similaridade genética, e assim existindo dentro de cada grupo uma maior aproximação entre os genótipos.

O agrupamento na Família 2, possibilitou que os grupos 02, 03, 04, 08, 10, 11, 13, 14, 15, 18, 19 e 21 fossem formados por 5,15% de genótipos, os grupos 01, 12, 16 e 22 compostos por 4.12% dos genótipos, os grupos 06 e 07 formados por 1.03%, os grupos 05, 09, 17 e 20 compostos, respectivamente, por 6.18, 8.24, 2.06 e 3.09%.

Na Família 03, os grupos 01, 02, 03, 04, 05, 07, 08, 09 e 10 formaram-se com 6.09% dos genótipos, os grupos 11 e 15 constituídos por 2.43%, já os grupos 06, 10, 13, 14 e 16 agrupados, foram formados, pela ordem de 3.65, 4.8, 1.21, 21.95 e 8.53. Os agrupamentos na Família 04, se deu por meio de 18 arranjos, sendo separados pelos grupos 01 composto por 10.95% dos genótipos, os grupos 02, 03, 06, 10 e 14 constituídos por 6.84 genótipos, os grupos 04 e 17 formados por 8.21%, os grupos 05 e 16 com 2.73% dos genótipos, os grupos 11, 15 e 18 com 1.36%, os grupos 12 e 13 formados por 4.10%, os grupos 07, 08 e 09 formados, respectivamente, por 5.47, 9.58 e 5.47% dos genótipos da Família avaliada.

Na Família 05, houve formação de 11 grupos, sendo por tanto a família que apresentou um menor número de agrupamentos, possivelmente por existir um maior número de genótipos endógamos, coincidindo com resultados expressos na Tabela 1. Os grupos 01, 05, 06 e 11 foram formados por 7.24%

dos genótipos avaliados, já os grupos 08 e 09 apresentaram 14.49% dos genótipos, e os grupos 02, 03, 04, 07 e 10 formados por 8.64, 15.94, 2.85, 1.44 e 5.79% respectivamente.

A geração de grupos nas Famílias avaliadas, apresentam resultados semelhantes aos encontrados por Gálová et al., (2015), que enfatiza a importância desses marcadores, pela qualidade nos resultados alcançados.

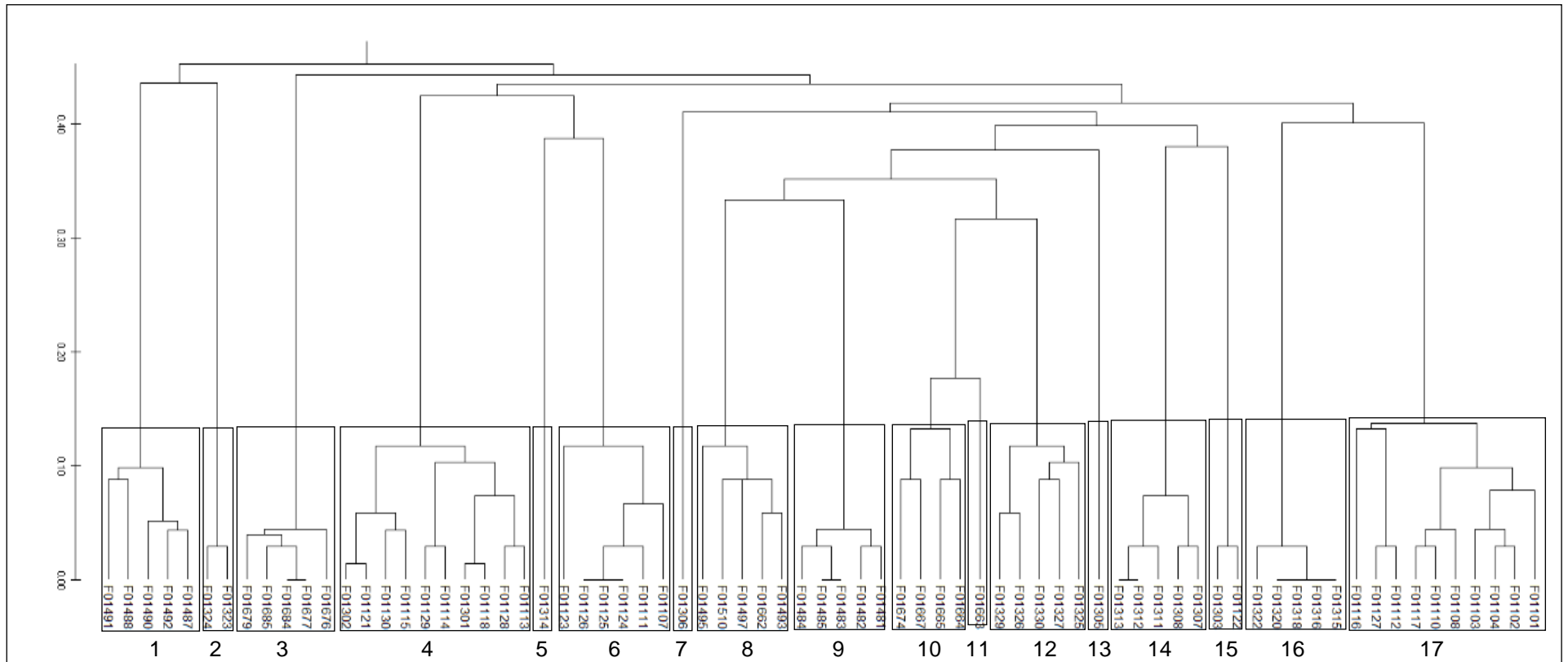


Fig. 8. Dendrograma UPGMA da Família 01, envolvendo 73 genótipos de *R. communis* L., com base em dados genotípicos obtidos de 17 pares de iniciadores e um morfoagronômico expresso pelo Teor de óleo. A escala representa o coeficiente de similaridade.

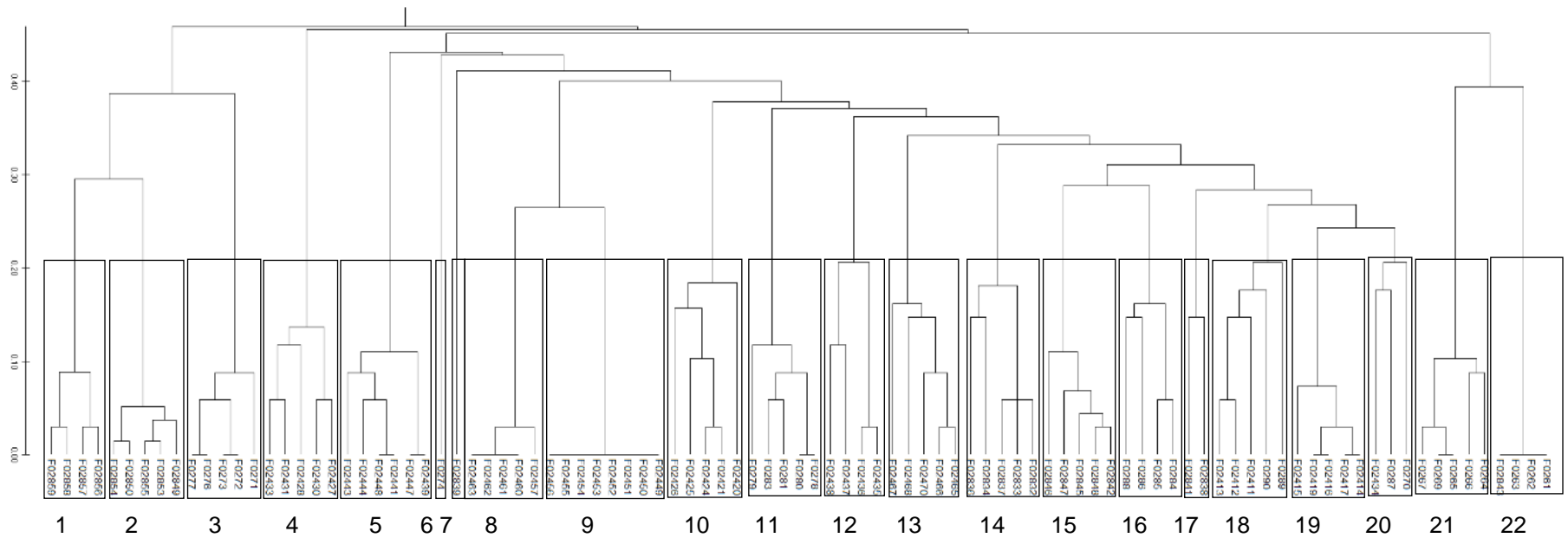


Fig. 9. Dendrograma UPGMA da Família 02, envolvendo 98 genótipos de *R. communis* L., com base em dados genotípicos obtidos de 17 pares de iniciadores e um morfoagronômico expresso pelo Teor de óleo. A escala representa o coeficiente de similaridade.

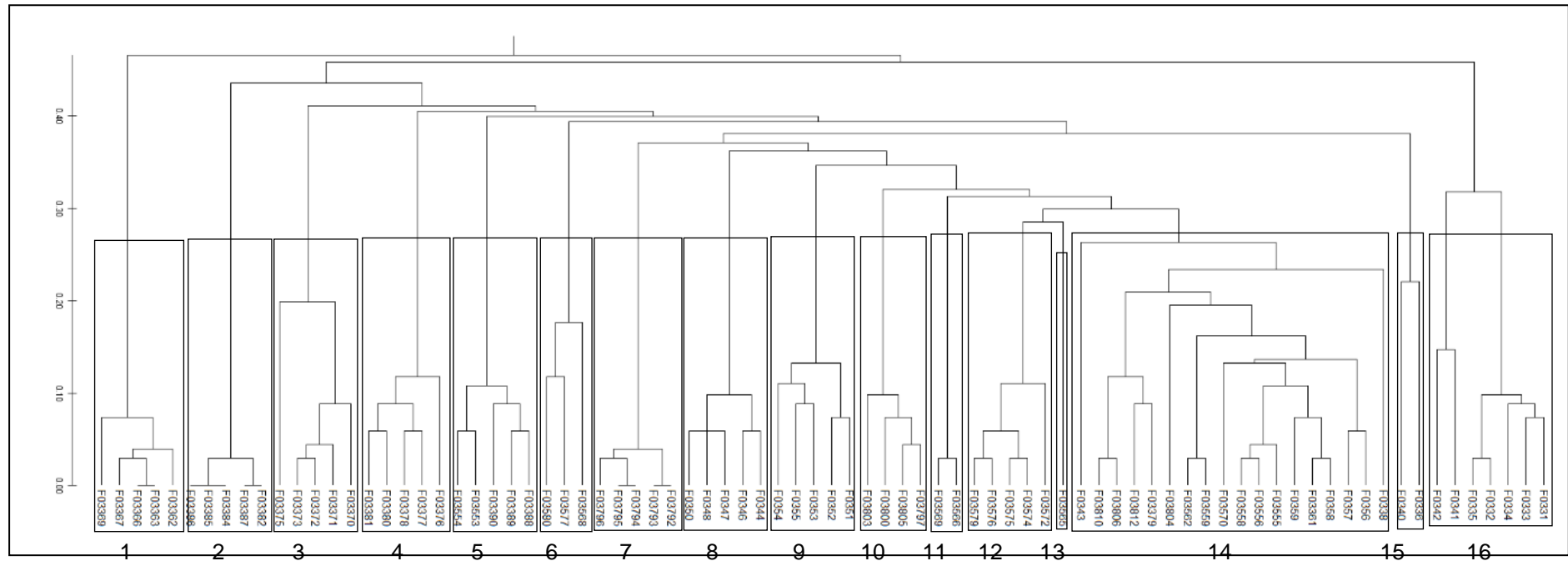


Fig. 10. Dendrograma UPGMA da Família 03, envolvendo 82 genótipos de *R. communis* L., com base em dados genotípicos obtidos de 17 pares de iniciadores e um morfoagronômico expresso pelo Teor de óleo. A escala representa o coeficiente de similaridade.

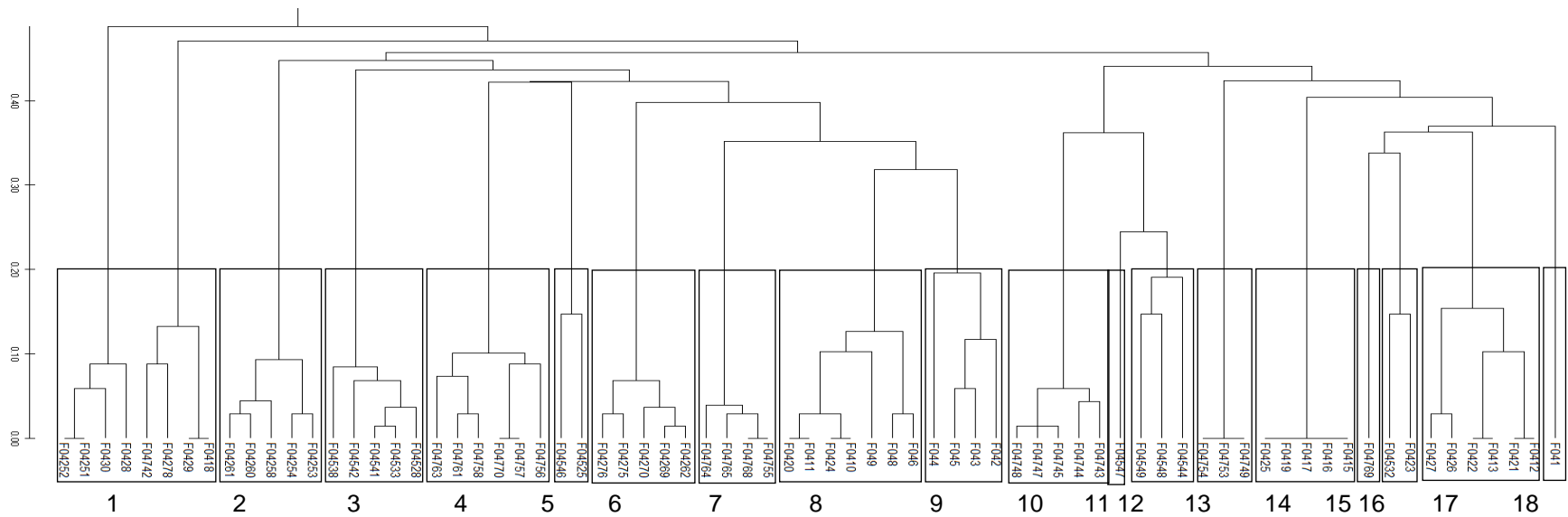


Fig. 11. Dendrograma UPGMA da Família 04, envolvendo 73 genótipos de *R. communis* L., com base em dados genotípicos obtidos de 17 pares de iniciadores e um morfoagronômico expresso pelo Teor de óleo. A escala representa o coeficiente de similaridade.

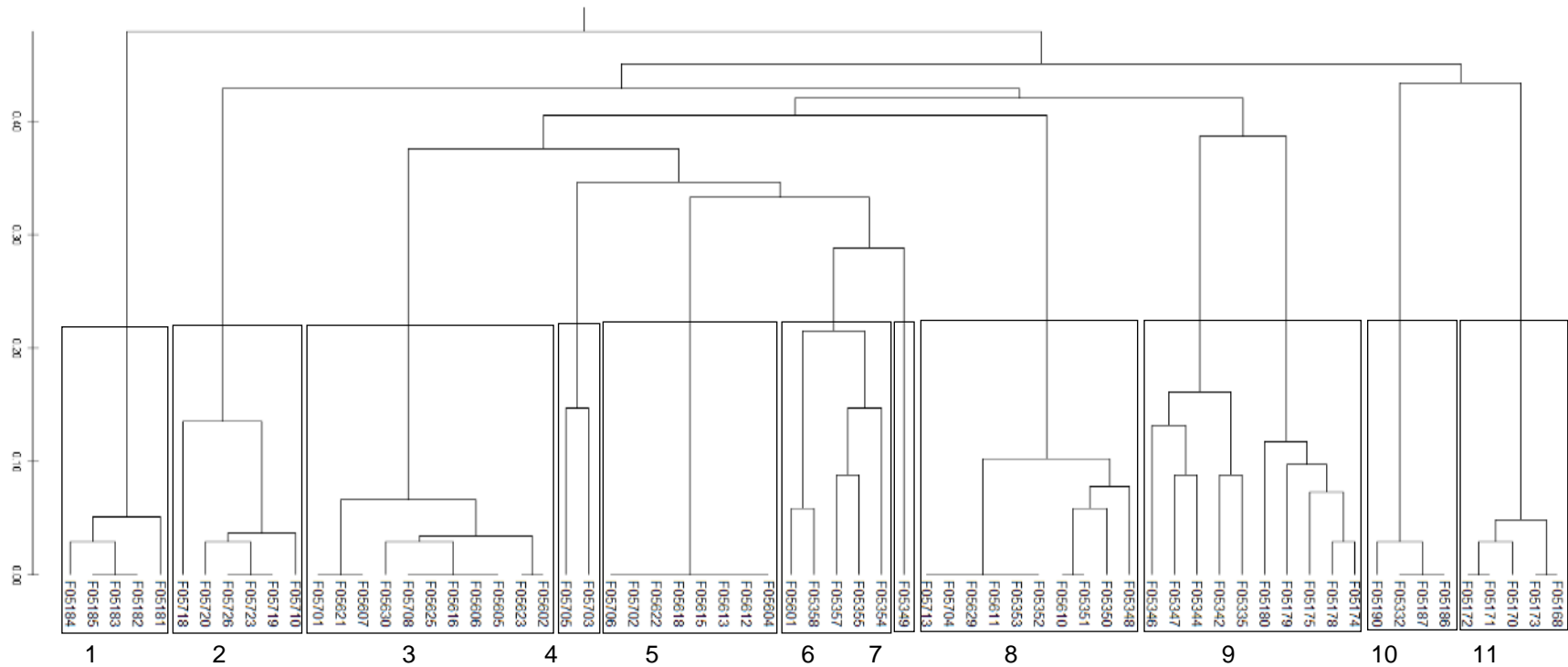


Fig. 12. Dendrograma UPGMA da Família 05, envolvendo 71 genótipos de *R. communis* L., com base em dados genótipicos obtidos de 17 pares de iniciadores e um morfoagronômico expresso pelo Teor de óleo. A escala representa o coeficiente de similaridade.

Para Pecina-Quintero et al., (2013) que usaram sete marcadores SSR verificou que os perfis gerados foram capazes de agrupar os genótipos em distintos grupos. as avaliadas que sugerem diversidade genética.

No geral, a tecnologia do marcador Simple Sequence Repeats (SSR) foi uma ferramenta eficaz para o estudo do polimorfismo genético em *R. communis* L. para as Famílias avaliadas que sugerem diversidade genética. A determinação da dissimilaridade entre os genótipos de cada Família é de extrema importancia para direcionar a seleção daquelas constituições divergentes com possibilidade de associação ao carater ou caracteres de maior interesse dos programas de melhoramento genético da espécie. Dessa forma, observando o carater Teor de óleo nas sementes (TOS) (Anexos: Tabelas 3; 4; 5; 6 e 7) e tomando como base os maiores valores para esse carater concomitante à divergencia genética, foi possível selecionar na Família 01 os genótipos: F01490, F01324, F01679, F01301. F01302, F01126, F01306, F01495, F01485, F01330, F01311, F01315, F01322; na Família 02: F02857, F02849, F02449, F02456, F02425, F02079, F02090, F02843; na Família 03: F0338; na Família 04: F04278, F04252, F04254, F04261, F04757, F0419 e F04532 e na Família 05: F05182, F05719, F05623, F05708, F05703, F05615, F05601, F05348, F05351, F05611, F05704, F05713, F05175, F05335 e F05168. Esses genótipos serão utilizados para avançar no programa de melhoramento genético da espécie, sendo portanto, utilizados em anos subseqüente para comparação e validação quanto a sua superioridade, para dessa forma dar seguimento ao programa de melhoramento genético da espécie.

CONCLUSÕES

1. As famílias avaliadas apresentam em sua composição, genótipos divergentes possibilitando a seleção de divergentes e superiores quanto ao teor de óleo.
2. A avaliação simultânea entre o conjunto dos marcadores moleculares SSRs com o caráter teor de óleo na semente (TOS), possibilita a seleção de 44 genótipos divergentes e com teores de óleo mais elevado;
3. O teor de óleo em associação com os dados moleculares, permitiu discriminar grupos divergente em todas as famílias pelo algoritmo de Gower.

BIBLIOGRAFIA

BAJAY, M. M. Desenvolvimento de marcadores microssatélite e caracterização do banco de germoplasma de mamona (*Ricinus communis* L.). ESALQ-USP. 96 p, São Paulo, 2009. **Dissertação** (Mestrado em Ciências. Área de concentração Genética e Melhoramento de plantas).

BAJAY, M. M.; PINHEIRO J. P.; BATISTA, C. E. A.; NÓBREGA, M. B. M.; ZUCCHI M. I. Development and characterization of microsatellite markers for castor (*Ricinus communis* L.), an important oleaginous species for biodiesel production. **Conservation Genetic Resources**, Durham, 2009. Disponível em: . Acesso em: 25/08/10. As 16h38min.

BAJAY, M. M.; ZUCCHI, M. I.; Kiihl, T. A . M.; BATISTA, C. E. A; MONTEIRO, M. PINHEIRO, J. B. Development of a novel set of microsatellite markers for castor bean, *Ricinus communis* (euphorbiaceae). *American Journal of Botany*: e1–e3. 2011.

BAJAY, M. M.; ZUCCHI, M. I.; KIIHL, T. A. M.; BATISTA, C. E. A, MONTEIRO, M. and PINHEIRO, J. B. (2011). Development of a novel set of microsatellite markers for castor bean, *Ricinus communis* (Euphorbiaceae). **American Journal of Botany**, 98, e87-e89. <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1000395>.

BARROS, E. A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de con-servação da raça marota no Piauí**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.

BELTRÃO, N. E. M. **Mamona: árvore do conhecimento e sistemas de produção para o Semi-Árido Brasileiro**. Campina Grande: EMBRAPA-Algodão, 2003. 19 p. (EMBRAPA-CNPA. Circular técnica, 70).

BERTOZZO, F.; LARA, A. C. da C.; ZANOTTO, M, D.; Melhoramento genético da mamona visando incremento de flores femininas. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 2, p.271-277, 2011.

COSTA, L. V; OLIVEIRA, E. C. A. M.; PIRES, N. R. O. BIODIESEL: mamona e dendê como culturas energéticas. **Revista Eletrônica de Energia**, v. 5, n. 2, p. 90-99, jul./dez. 2015.

COSTA, L. V; OLIVEIRA, E. C. A. M.; PIRES, N. R. O. BIODIESEL: mamona e dendê como culturas energéticas. **Revista Eletrônica de Energia**, v. 5, n. 2, p. 90-99, jul./dez. 2015.

COSTA, T. R.; FILHO, P. S.; VIDIGAL, M. C.; GALVAN, M. Z.; LACANALLO, G. F.; SILVA, L. I. and KVITSCHAL, M. V. (2013). Genetic diversity and population structure of sweet cassava using simple sequence repeat (SSR) molecular markers. **African J. Biotechnol.**, 12(10): 1040- 1048.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M. end PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Suprema. p. 620, 2011.

DIAMANTINO, M. S. A. S. **Variabilidade genética, viabilidade de pólen e estresse salino em genótipos de mamoneira** / Maria Selma Alves Silva Diamantino. Cruz das Almas, BA, 2013.

DUTRA FILHO, J. A.; RESENDE, L. V.; BASTOS, G. Q.; SIMÕES NETO, D. E.; MACHADO, P. R. Utilização de marcadores moleculares RAPD e EST's SSR para estudo da variabilidade genética em cana-de-açúcar. **Rev. Ciênc. Agron.**, v. 44, n. 1, p. 141-149, jan-mar, 2013.

GÁLOVÁ, Z.; VIVODÍK, M.; BALÁŽOVÁ, ŽELMÍRA and HLOZÁKOVÁ, T. K. (2015). Identificação e diferenciação de *Ricinus communis* L. usando marcadores SSR. **Potravinarstvo**. 9, 1 (dez. 2015), 556-561. DOI: <https://doi.org/10.5219/516>.

GRATTAPAGLIA, D.; DIENER, P. S. A.; SANTOS, G. A. Performance of microsatellites for parentage assignment following mass controlled pollination in a clonal seed orchard of loblolly pine (*Pinus taeda*L.). **TreeGenetics&Genomes**, v. 10, p. 1631-1643, 2014.

GUIMARÃES, A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; ALMEIDA FILHO, J. E. de.; PENA, G. F.; VITTORAZZI, C.; PEREIRA, M. G. Population structure and impact of recurrent selection on popcorn using EST-SSR markers. **Acta Sci., Agron.**, Maringá, v.40, e35218, 2018.

GUIMARÃES, A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; ALMEIDA FILHO, J. E. de.; PENA, G. F.; VITTORAZZI, C.; PEREIRA, M. G. Population structure and impact of recurrent selection on popcorn using EST-SSR markers. **Acta Sci., Agron.**, Maringá, v.40, e35218, 2018.

MACHADO, E. L.; Silva, S. A. (2013). Desenho e validação de iniciadores microssatélites SSR para mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (1977. Imprensa), v. 48, p. 1457-1463.

MACHADO, E. L.; SILVA, S. A.; FERNANDES, L. DOS S.; BRASILEIRO, H.S. Variabilidade genética e homozigose em uma população F4 de mamoneira por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v.75, n. 3, p. 307-313, Set. 2016.

MAURYA, R.; YADAV, H. K. (2016). Microsatellite markers based heterozygosity assessment in *Jatropha curcas* L.: A potential bioenergy crop. **Tropical Pl. Res.**, 3(1): 191–198.

MCMANUS, C.; PAIVA, S. R.; CORRÊA, P. S. ; SEIXAS, L. S. and MELO, C. B. (2011). **Estatística para descrever genética de populações**. 2011. (Editoração/Outra).

MILANI, M.; DANTAS, F. V.; MARTINS, W. F. S. Divergência genética em mamoneira por caracteres morfológicos e moleculares. **Rev. bras. ol. fibros.**, Campina Grande, v.13, n.2, p.61-71, maio/ago. 2009.

MILANI, MÁIRA. **Andamento e perspectivas do programa de melhoramento de mamona da Embrapa**/por Máira Milani, Márcia Barreto de Medeiros Nóbrega e Francisco Pereira de Andrade. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2009. 26p. (Embrapa Algodão. Documentos, 226).

MORENO, M. A., TARAZI, R., FERRAZ, E. M.; GANDARA, F. B. Estrutura genética espacial em populações de *Hymenaeastigonacarpa* Mart. exHayne mediante a utilização de marcadores microssatélites cloroplastidiais. **ScientiaForestalis** v.37, 513-523p. 2009.

PECINA-QUINTERO, ANAYA-LÓPEZ, V.; NÚNEZ-COLÍN, J. L.; ZAMARRIPA-COLMENERO, C. A.; A., MONTES-GARCÍA, N.; SOLÍS-BONILLA, J. L. and AGUILAR-RANGEL, M. R. (2013). Assessing the genetic diversity of castor bean from Chiapas, México using SSR and AFLP markers. **Industrial Crops and Products**, vol.41,134-143.

SAKURE, A. A.; DHADUK, H. L.; MEHTA, D. R. end MADARIA, R. B. (2012). Discrimination of castor (*Ricinus communis* L.) genotypes through SSR marker. **Asian J. Biosci.**, 7(1): 71-76.

VAZQUEZ-LOBO, A.; MORALES, G. A. E. 2014. Microsatélites. In: ROMERO, A. C.; DÍAZ, A. S.; AGUILAR, B. R.; MUNIVE, M. G. R. (eds.). **Herramientas moleculares aplicadas en ecología**: aspectos teóricos y prácticos. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales Blvd. Adolfo Ruiz Cortines 4209. Col. Jardines en la Montaña C.P. 14210. Delegación Tlalpan, México, D.F. . p. 75-100. 2014.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O desenvolvimento da cadeia produtiva da mamona é de fundamental importância para o agronegócio nacional, por apresentar uma demanda crescente de produtos e subprodutos, como o óleo utilizado na aviação aeroespacial, desenvolvimento de poliuretano e produção do biodiesel. Além disso, a cultura, apresenta grande vantagem em relação as demais existentes no Brasil, pela baixa exigências requeridas para a produção, o que permite a expansão da área plantada para seu cultivo nas mais diversas regiões. Essa cadeia estará completa quando todos os seus produtos e subprodutos forem utilizados nos mais diversos ramos da agroindústria.

No entanto a cultura apresenta-se com grande variação, como crescimento, cor de folhagem e caule, tamanho, coloração e forma de sementes, teor de óleo, porte entre outros, sendo seu fenótipo bastante dependente do ambiente. Um outro fator a ser observado é que o ambiente é um dos componentes da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado pelos genótipos, quando submetidos a mais de um ambiente. Dessa maneira, o desenvolvimento de novos materiais genéticos, visando atender as áreas de expansão da cultura, tanto nas regiões tradicionais como em novas regiões onde a cultura está sendo introduzida é de grande importância para assegurar maiores ganhos na produção. Incluindo, características específicas para os diferentes sistemas de produção, obtendo material mais produtivo e adaptado, avaliando características em função do ambiente, do sistema de produção e do nível de tecnologia empregada.

Com a nova realidade vivida no meio rural nos últimos tempos com a escassez de mão de obra, elevando o custo para as operações de manejo e tratamentos culturais, a necessidade de desenvolver cultivares com porte baixo a anão (facilitando a colheita manual e vislumbrando a mecanizada) e indeiscência dos frutos (possibilitando colheita única), são pontos a serem levados em consideração

na tomada de decisão do melhoramento da cultura. Assim o programa de melhoramento da mamoneira tem como foco o atendimento das demandas nacional e regional buscando o fortalecimento das ações de pesquisa em nível local, a fim de que os resultados obtidos possam ser prontamente transferidos aos produtores e resultem na elevação do patamar tecnológico destas regiões de interesse pela cultura da mamona.

Assim, o desenvolvimento de um programa de melhoramento voltado para a obtenção de variedades, que provoquem melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, é de fundamental importância, pois a desorganização e inadequação dos sistemas de produção, devido à reduzida oferta de sementes melhoradas, associada a utilização imprópria para o plantio, bem como da utilização de práticas culturais inadequadas imprime à cultura baixa rentabilidade, sendo que essa realidade pode ser revertida com oferta de material melhorado e adequado, que atendam às necessidades requeridas para retorno econômico satisfatório da cultura.

Nesse sentido, o presente estudo, apresenta novos genótipos que foram selecionados, com o intuito de serem utilizados em novos experimentos para avaliação da sua expressão e assim serem utilizados como Genótipos superiores, para os caracteres referentes ao teor de óleo, florescimento (ciclo vegetativo), estatura de plantas, peso e número de sementes e peso de 100 sementes. Vale ressaltar, que novos estudos com os genótipos apontados como divergentes e superiores quanto ao teor de óleo, devem ser investigados em novos ciclos, para confirmação dessa superioridade observa.

APÊNDICES

Capítulo I

Tabela 01. Genótipos pertencentes à Família 01, com valores atribuídos às características: florescimento (FLO), estatura de planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de cem sementes (P100) e teor de óleo nas sementes (TOS). Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS					
UFRB687	59.00	UFRB758	56.00	UFRB722	255.00	UFRB764	146.74	UFRB667	70.58	UFRB681	47.16
UFRB682	61.00	UFRB782	63.00	UFRB678	258.76	UFRB691	158.15	UFRB706	70.75	UFRB703	47.19
UFRB689	61.00	UFRB735	72.00	UFRB708	259.00	UFRB723	160.91	UFRB743	70.85	UFRB778	47.38
UFRB690	61.00	UFRB777	74.00	UFRB689	260.36	UFRB669	163.61	UFRB682	70.92	UFRB698	47.41
UFRB778	62.00	UFRB686	79.00	UFRB718	281.00	UFRB739	165.15	UFRB691	71.00	UFRB723	47.45
UFRB757	64.00	UFRB751	82.00	UFRB719	282.00	UFRB679	165.16	UFRB673	71.30	UFRB746	47.53
UFRB758	65.00	UFRB731	85.00	UFRB667	289.19	UFRB678	170.78	UFRB681	72.33	UFRB705	47.59
UFRB681	66.00	UFRB744	85.00	UFRB713	296.00	UFRB672	170.95	UFRB669	72.51	UFRB704	47.71
UFRB759	66.00	UFRB778	85.00	UFRB681	303.31	UFRB720	177.14	UFRB678	72.60	UFRB717	47.99
UFRB763	66.00	UFRB752	90.00	UFRB677	309.77	UFRB743	185.64	UFRB668	72.84	UFRB764	48.01
UFRB770	68.00	UFRB666	92.00	UFRB705	310.00	UFRB667	194.70	UFRB769	73.00	UFRB754	48.04
UFRB671	69.00	UFRB728	97.00	UFRB682	312.69	UFRB682	204.30	UFRB676	73.03	UFRB744	48.22
UFRB676	69.00	UFRB675	98.00	UFRB759	356.00	UFRB746	205.22	UFRB759	73.46	UFRB741	48.26
UFRB678	69.00	UFRB671	102.00	UFRB716	372.00	UFRB681	205.40	UFRB716	73.84	UFRB715	48.36
UFRB679	69.00	UFRB670	105.00	UFRB673	430.30	UFRB759	236.78	UFRB713	75.25	UFRB708	48.68
UFRB697	69.00	UFRB709	105.00	UFRB692	449.01	UFRB677	262.67	UFRB693	76.51	UFRB695	48.69
UFRB739	69.00	UFRB769	106.00	UFRB723	466.00	UFRB673	265.94	UFRB672	76.60	UFRB694	48.70
UFRB741	69.00	UFRB682	107.00	UFRB687	512.31	UFRB692	282.15	UFRB687	78.86	UFRB699	48.72
UFRB746	69.00	UFRB740	107.00	UFRB720	513.00	UFRB687	446.51	UFRB689	81.29	UFRB728	48.80
\bar{X}_o	73.85	123.3	191.3	114.7	65.2	45.34					
\bar{X}_s	65.84	88.94	191.25	208.83	65.21	47.99					
GS(%)	-2.33	-21.59	56.18	61.27	9.9	3.29					
xPred	72.11	96.64	298.7	184.9	71.7	46.83					

Tabela 02. Genótipos pertencentes à Família 02, com valores atribuídos às características: florescimento (FLO), estatura de planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de cem sementes (P100) e teor de óleo nas sementes (TOS). Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS					
UFRB554	57.00	UFRB554	49.00	UFRB607	145.00	UFRB576	32.69	UFRB600	54.00	UFRB591	46.17
UFRB545	58.00	UFRB580	50.00	UFRB568	189.00	UFRB640	93.96	UFRB579	54.26	UFRB568	46.28
UFRB553	58.00	UFRB581	54.00	UFRB636	190.00	UFRB574	98.63	UFRB660	54.90	UFRB594	46.30
UFRB552	59.00	UFRB566	57.00	UFRB650	191.00	UFRB584	100.11	UFRB602	55.00	UFRB629	46.32
UFRB547	60.00	UFRB586	57.00	UFRB569	198.00	UFRB561	103.19	UFRB599	55.12	UFRB545	46.68
UFRB583	63.00	UFRB610	62.00	UFRB641	203.00	UFRB606	105.59	UFRB553	55.38	UFRB653	46.74
UFRB616	63.00	UFRB618	62.00	UFRB606	206.00	UFRB597	106.87	UFRB601	56.00	UFRB574	46.80
UFRB625	63.00	UFRB582	63.00	UFRB629	206.00	UFRB650	109.92	UFRB584	56.59	UFRB636	47.03
UFRB628	63.00	UFRB589	64.00	UFRB635	207.00	UFRB604	111.58	UFRB557	56.60	UFRB640	47.08
UFRB606	64.00	UFRB552	65.00	UFRB561	210.08	UFRB629	113.14	UFRB574	56.99	UFRB626	47.18
UFRB550	65.00	UFRB553	68.00	UFRB653	211.00	UFRB649	117.61	UFRB633	57.15	UFRB641	47.44
UFRB594	65.00	UFRB600	68.00	UFRB648	214.00	UFRB648	123.98	UFRB597	58.06	UFRB631	47.45
UFRB598	65.00	UFRB619	68.00	UFRB563	217.59	UFRB652	124.24	UFRB598	59.08	UFRB656	47.47
UFRB607	65.00	UFRB621	68.00	UFRB594	221.00	UFRB613	125.52	UFRB563	59.36	UFRB649	47.48
UFRB551	66.00	UFRB583	69.00	UFRB573	233.30	UFRB563	126.17	UFRB548	59.61	UFRB606	47.75
UFRB562	66.00	UFRB603	70.00	UFRB557	246.00	UFRB642	126.66	UFRB634	62.54	UFRB650	47.87
UFRB641	66.00	UFRB599	73.00	UFRB652	256.00	UFRB653	134.85	UFRB594	62.88	UFRB611	47.97
UFRB544	67.00	UFRB587	75.00	UFRB651	264.00	UFRB594	143.14	UFRB657	63.32	UFRB652	48.22
UFRB558	67.00	UFRB604	75.00	UFRB642	268.00	UFRB625	147.01	UFRB639	64.43	UFRB619	48.24
UFRB561	67.00	UFRB646	75.00	UFRB649	271.00	UFRB626	147.24	UFRB564	66.34	UFRB588	48.24
UFRB567	67.00	UFRB658	75.00	UFRB626	322.00	UFRB662	153.99	UFRB661	66.74	UFRB612	48.39
UFRB576	67.00	UFRB550	77.00	UFRB662	349.00	UFRB651	158.40	UFRB616	67.44	UFRB660	48.49
UFRB613	67.00	UFRB617	78.00	UFRB625	355.00	UFRB562	175.18	UFRB653	71.08	UFRB573	48.70
UFRB633	67.00	UFRB607	79.00	UFRB562	378.75	UFRB567	224.48	UFRB621	71.30	UFRB562	49.18
UFRB548	68.00	UFRB612	79.00	UFRB567	402.47	UFRB616	264.63	UFRB554	78.30	UFRB646	49.37
\bar{X}_o	74.74	96.06	154.68	75.67	46.94	43.45					
\bar{X}_s	64.11	67.65	258.73	132.74	60.73	47.55					
GS(%)	-7.92	-24.68	56.35	65.78	24.62	7.1					
xPred	68.82	72.34	241.86	125.37	58.5	46.54					

Tabela 03. Genótipos pertencentes à Família 03, com valores atribuídos às características: florescimento (FLO), estatura de planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de cem sementes (P100) e teor de óleo nas sementes (TOS). Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS					
UFRB453	69.00	UFRB445	77.00	UFRB515	194.00	UFRB453	123.00	UFRB433	70.46	UFRB424	45.15
UFRB426	70.00	UFRB514	80.00	UFRB429	196.47	UFRB440	123.40	UFRB510	70.46	UFRB425	46.43
UFRB449	70.00	UFRB444	81.00	UFRB456	198.00	UFRB505	125.96	UFRB429	70.83	UFRB431	49.25
UFRB440	71.00	UFRB447	81.00	UFRB431	198.91	UFRB431	127.63	UFRB424	70.96	UFRB433	47.77
UFRB427	72.00	UFRB429	89.00	UFRB428	213.71	UFRB450	128.41	UFRB527	72.33	UFRB435	46.06
UFRB452	73.00	UFRB434	91.00	UFRB439	216.71	UFRB427	128.64	UFRB449	73.05	UFRB437	45.52
UFRB535	73.00	UFRB435	96.00	UFRB516	223.00	UFRB500	129.15	UFRB428	73.35	UFRB450	46.57
UFRB443	74.00	UFRB454	98.00	UFRB438	230.09	UFRB504	140.60	UFRB452	73.80	UFRB451	45.02
UFRB448	74.00	UFRB455	99.00	UFRB459	232.00	UFRB428	147.37	UFRB459	74.01	UFRB454	45.55
UFRB431	75.00	UFRB519	103.00	UFRB527	248.00	UFRB438	147.47	UFRB438	74.30	UFRB470	45.15
UFRB428	76.00	UFRB446	104.00	UFRB446	258.65	UFRB463	150.21	UFRB448	74.30	UFRB471	46.78
UFRB429	76.00	UFRB524	104.00	UFRB440	262.29	UFRB439	151.51	UFRB451	74.92	UFRB472	45.09
UFRB534	76.00	UFRB467	107.00	UFRB533	266.00	UFRB446	156.76	UFRB426	75.31	UFRB473	46.06
UFRB433	77.00	UFRB433	108.00	UFRB425	273.17	UFRB533	158.73	UFRB443	75.83	UFRB474	45.01
UFRB510	77.00	UFRB499	108.00	UFRB453	291.36	UFRB502	161.73	UFRB425	76.85	UFRB486	45.03
UFRB520	77.00	UFRB443	109.00	UFRB462	297.00	UFRB516	164.26	UFRB453	78.22	UFRB495	46.14
UFRB529	78.00	UFRB535	109.00	UFRB526	304.00	UFRB425	173.09	UFRB427	79.33	UFRB505	45.73
UFRB425	79.00	UFRB498	110.00	UFRB460	321.00	UFRB527	176.79	UFRB441	81.56	UFRB514	47.41
UFRB434	79.00	UFRB425	113.00	UFRB529	360.00	UFRB526	192.26	UFRB440	82.94	UFRB519	47.76
UFRB459	79.00	UFRB450	113.00	UFRB463	435.00	UFRB529	216.25	UFRB520	87.00	UFRB534	47.34
\bar{X}_o	74.74	96.06	154.68	75.67	46.94	43.45					
\bar{X}_s	64.11	67.65	258.73	132.74	60.73	47.55					
GS(%)	-7.92	-24.68	56.35	65.67	24.62	7.1					
\bar{X}_{Pred}	68.82	72.34	241.86	125.37	58.5	46.54					

Tabela 04. Genótipos pertencentes à Família 04, com valores atribuídos às características: florescimento (FLO), estatura de planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de cem sementes (P100) e teor de óleo nas sementes (TOS). Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS					
UFRB333	65.00	UFRB371	64.00	UFRB325	138.00	UFRB395	148.50	UFRB404	58.04	UFRB350	46.81
UFRB361	66.00	UFRB378	66.00	UFRB367	228.00	UFRB372	148.68	UFRB436	58.60	UFRB397	46.93
UFRB400	69.00	UFRB333	70.00	UFRB361	233.00	UFRB332	159.64	UFRB352	59.57	UFRB410	46.93
UFRB331	70.00	UFRB335	71.00	UFRB423	235.00	UFRB433	171.68	UFRB434	60.01	UFRB341	46.97
UFRB367	70.00	UFRB377	76.00	UFRB338	239.00	UFRB397	174.76	UFRB395	61.27	UFRB336	47.02
UFRB383	70.00	UFRB403	78.00	UFRB347	240.00	UFRB331	177.17	UFRB355	61.65	UFRB422	47.10
UFRB329	71.00	UFRB341	80.00	UFRB412	245.00	UFRB392	177.40	UFRB406	62.34	UFRB414	47.14
UFRB338	71.00	UFRB338	81.00	UFRB409	257.00	UFRB328	178.15	UFRB334	63.60	UFRB360	47.23
UFRB350	71.00	UFRB414	84.00	UFRB372	283.00	UFRB344	182.06	UFRB325	64.84	UFRB395	47.53
UFRB363	71.00	UFRB336	85.00	UFRB326	292.00	UFRB352	184.96	UFRB403	65.29	UFRB427	47.59
UFRB399	71.00	UFRB342	86.00	UFRB411	293.00	UFRB329	201.61	UFRB399	67.81	UFRB428	47.61
UFRB429	71.00	UFRB418	86.00	UFRB328	294.00	UFRB326	203.34	UFRB368	68.05	UFRB362	47.64
UFRB381	72.00	UFRB339	87.00	UFRB352	316.00	UFRB385	206.05	UFRB335	68.27	UFRB377	48.04
UFRB389	72.00	UFRB346	87.00	UFRB344	321.08	UFRB412	208.02	UFRB338	68.27	UFRB343	48.12
UFRB398	72.00	UFRB392	92.00	UFRB331	324.00	UFRB345	223.12	UFRB364	73.20	UFRB381	48.37
UFRB428	72.00	UFRB325	93.00	UFRB433	326.00	UFRB411	223.52	UFRB365	74.00	UFRB436	48.83
UFRB365	73.00	UFRB331	94.00	UFRB345	327.53	UFRB350	239.00	UFRB345	74.37	UFRB367	48.83
UFRB368	73.00	UFRB423	95.00	UFRB350	333.45	UFRB404	239.20	UFRB332	75.40	UFRB363	48.89
UFRB371	73.00	UFRB427	95.00	UFRB329	359.00	UFRB434	242.44	UFRB350	79.02	UFRB423	49.04
UFRB373	73.00	UFRB405	96.00	UFRB434	391.00	UFRB422	249.98	UFRB407	80.20	UFRB408	49.36
UFRB382	73.00	UFRB424	96.00	UFRB422	514.00	UFRB399	251.77	UFRB346	80.53	UFRB361	49.82
\bar{X}_o	78.27	115.7	187.08	115.88	53.92	44.81					
\bar{X}_s	70.78	83.65	307	201.32	67.97	47.95					
GS(%)	-4.8	-18	39.17	58.51	15.02	5.31					
x_{Pred}	74.51	94.87	260.37	183.69	62.02	47.19					

Tabela 05. Genótipos pertencentes à Família 05, com valores atribuídos às características: florescimento (FLO), estatura de planta (EP), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por planta (PSP), peso de cem sementes (P100) e teor de óleo nas sementes (TOS). Cruz das Almas-BA, 2018-2019.

	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS					
UFRB784	63.00	UFRB798	45.00	UFRB799	275.66	UFRB856	109.47	UFRB798	37.00	UFRB788	47.41
UFRB800	63.00	UFRB804	70.00	UFRB809	281.92	UFRB808	119.29	UFRB790	38.65	UFRB854	48.01
UFRB787	65.00	UFRB878	77.00	UFRB827	284.00	UFRB848	122.97	UFRB835	47.12	UFRB844	48.04
UFRB789	65.00	UFRB785	80.00	UFRB796	305.69	UFRB809	123.29	UFRB789	48.21	UFRB834	48.22
UFRB795	69.00	UFRB806	81.00	UFRB820	307.00	UFRB796	123.70	UFRB784	49.31	UFRB831	48.26
UFRB805	69.00	UFRB844	85.00	UFRB876	312.00	UFRB833	138.47	UFRB801	52.94	UFRB805	48.36
UFRB808	69.00	UFRB835	91.00	UFRB808	338.40	UFRB830	147.79	UFRB793	53.00	UFRB881	48.52

UFRB809	70.00	UFRB831	92.00	UFRB883	342.00	UFRB795	155.92	UFRB883	57.12	UFRB887	48.55
UFRB889	70.00	UFRB834	92.00	UFRB789	359.20	UFRB805	157.58	UFRB803	57.51	UFRB876	48.63
UFRB883	71.00	UFRB810	94.00	UFRB795	373.11	UFRB883	179.14	UFRB855	58.96	UFRB798	48.68
UFRB899	71.00	UFRB877	95.00	UFRB833	401.00	UFRB789	182.74	UFRB856	62.53	UFRB785	48.69
UFRB813	72.00	UFRB893	95.00	UFRB805	427.81	UFRB793	184.99	UFRB877	63.00	UFRB784	48.70
UFRB886	72.00	UFRB788	97.00	UFRB830	428.00	UFRB876	210.10	UFRB878	63.00	UFRB877	48.77
UFRB887	73.00	UFRB813	97.00	UFRB875	520.00	UFRB875	211.24	UFRB800	67.14	UFRB818	48.80
UFRB861	74.00	UFRB864	97.00	UFRB784	609.18	UFRB829	219.27	UFRB876	69.26	UFRB886	49.54
UFRB878	74.00	UFRB899	97.00	UFRB829	635.00	UFRB784	297.91	UFRB785	73.16	UFRB866	49.87
\bar{X}_o	79.63		112		205.50		89.13		38.2		46.36
\bar{X}_s	69.37		86.6		387.49		167.7		56.1		48.64
GS(%)	-6.95		-15.4		59.50		61.68		33.2		2.6
xPred	74.00		94.5		327.77		144.1		50.9		47.57

TABELA 6. Estimativas de variâncias, de parâmetros genéticos e de médias de caracteres agrônômicos para as populações 1, 2, 3, 4 e 5 obtidos a partir da F2 e de seus genitores.

Família	Desc	Mínimo	Máximo	$\bar{X} \pm IC\ 95\%$	CV(%)	Mínimo	Máximo	$\bar{X} \pm IC\ 95\%$	CV(%)	Mínimo	Máximo	$\bar{X} \pm IC\ 95\%$	CV(%)
		Genitor UFRB176				Genitor UFRB248				F2			
01F	FLO	76	82	80.25 ± 4.74	4.31	69	82	76.25 ± 4.19	6.61	59	93	73.65 ± 1.24	8.61
	EST	126	133	130.50 ± 4.95	2.39	107	131	117.00 ± 6.81	7.83	56	131	122.17 ± 4.35	22.77
	NSP	110	192	135.94 ± 62.02	27.45	96	183	139.75 ± 26.71	25.5	33	513	179.93 ± 17.93	56.65
	PSP	85.78	123.41	99.75 ± 27.02	16.11	67.92	120.09	94.42 ± 17.65	23	17.72	446.51	107.88 ± 11.44	61.45
	P100	63.19	71	67.50 ± 5.14	5.74	61.26	67.29	65.15 ± 2.05	4.2	26.47	81.29	64.43 ± 1.52	13.36
	TOS	41.92	43.36	42.43 ± 1.01	1.32	40.49	47.09	43.79 ± 1.85	5.45	40.49	48.8	44.94 ± 0.41	4.54
		Genitor UFRB122				Genitor UFRB255				F2			
02F	FLO	71	88	79.18 ± 4.07	7.3	71	87	77.78 ± 4.29	6.77	57	98	74.74 ± 1.69	11.66
	EST	72	97	85.91 ± 5.62	9.28	75	108	93.22 ± 8.14	10.71	49	176	96.07 ± 4.54	24.31
	NSP	110	234	179.55 ± 25.	20.11	105	164	134.11 ± 17.58	16.08	15	448	154.68 ± 15.03	49.97
	PSP	47.36	96.82	72.84 ± 10.76	20.97	50.76	97.95	66.00 ± 10.90	20.26	11.31	264.63	75.67 ± 8.15	55.39
	P100	36.43	43.62	39.41 ± 1.32	4.75	40.06	57.47	51.79 ± 4.14	9.81	21.42	78.3	46.95 ± 1.95	21.4
	TOS	42.73	47.32	45.89 ± 1.14	3.52	40.32	46.97	44.39 ± 1.93	5.33	23.4	49.37	43.46 ± 0.84	9.89
		Genitor UFRB176				Genitor UFRB193				F2			
03F	FLO	76	82	80.25 ± 4.74	43.188	82	94	81.11 ± 3.24	4.78	69	98	82.68 ± 1.37	7.54
	EST	126	133	130.50 ± 4.95	23.994	132	178	149.80 ± 9.72	9.96	77	187	127.5 ± 5.06	17.97
	NSP	110	192	135.94 ± 62.02	274.513	60	141	91.82 ± 18.11	25.07	43	435	136.53 ± 18.34	60.77
	PSP	85.78	123.41	99.75 ± 27.02	161.139	55.6	116.53	82.21 ± 16.51	25.34	27.62	216.25	92.19 ± 9.55	46.88
	P100	63.19	71	67.50 ± 5.14	57.463	65	79.54	77.21 ± 3.45	7.36	29.86	87	64.78 ± 1.99	13.94
	TOS	41.92	43.36	42.43 ± 1.01	13.222	39.6	45.62	42.06 ± 1.34	4.05	33.59	49.24	43.00 ± 0.61	6.45
		Genitor UFRB176				Genitor UFRB36				F2			
04F	FLO	76	82	80.25 ± 4.74	43.188	72	87	80.00 ± 4.75	6.64	65	99	78.27 ± 1.41	8.66
	EST	126	133	130.50 ± 4.95	23.994	92	157	128.25 ± 18.94	16.53	64	217	115.68 ± 5.88	24.44
	NSP	110	192	135.94 ± 62.02	274.513	114	293	214.14 ± 56.28	29.41	29	514	187.08 ± 18.03	46.29
	PSP	85.78	123.41	99.75 ± 27.02	161.139	73.2	159.76	123.27 ± 28.00	25.42	18.37	251.77	115.89 ± 12.24	50.73
	P100	63.19	71	67.50 ± 5.14	57.463	49.09	72.09	60.40 ± 7.12	13.2	29.55	80.92	53.92 ± 2.09	18.65
	TOS	41.92	43.36	42.43 ± 1.01	13.222	39.98	46.13	44.28 ± 1.61	4.07	30.78	49.82	44.81 ± 0.62	6.71
		Genitor UFRB36				Genitor UFRB160				F2			
05F	FLO	72	87	80.00 ± 4.75	6.64	71	84	76.81 ± 2.28	5.43	63	97	79.63 ± 1.96	9.97
	EST	92	157	128.25 ± 18.94	16.53	89	133	110.5 ± 6.6	10.69	45	168	111.78 ± 5.51	19.93
	NSP	114	293	214.14 ± 56.28	29.41	144	432	239.60 ± 42.2	31.23	26	635	205.50 ± 31.08	61.06
	PSP	73.2	159.76	123.27 ± 28.00	25.42	65.26	164.29	102.21 ± 14.96	26.77	11.11	297.91	89.58 ± 13.62	61.67
	P100	49.09	72.09	60.40 ± 7.12	13.2	32.1	53.44	37.44 ± 3.95	18.72	29	73.16	38.18 ± 2.74	28.98
	TOS	39.98	46.13	44.28 ± 1.61	4.07	43.81	49.82	46.41 ± 0.86	3.31	39.81	49.86	46.36 ± 0.47	4.12

Capítulo III

Tabela 3. Distribuição das 73 plantas pertencentes à Família 01, nos dezessete grupos obtidos na análise de agrupamento (dendrograma), com suas respectivas características morfoagronômicas.

GRUPOS	GENÓTIPOS	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
01	#F01487	78.00	117.00	33.00	32.18	64.38	45.95
	#F01488	81.00	85.00	100.00	64.83	58.92	47.00

	#F01490	69.00	123.00	152.00	205.22	64.00	47.53
	#F01491	69.00	113.00	170.00	165.15	67.65	45.14
	#F01492	93.00	72.00	36.00	17.72	45.32	44.25
02	#F01323	76.00	161.00	372.00	128.45	73.84	45.28
	#F01324	83.00	145.00	143.00	49.38	66.01	47.99
03	#F01676	78.00	106.00	127.00	100.91	73.00	44.63
	#F01677	68.00	118.00	126.00	84.09	70.44	44.24
	#F01679	84.00	109.00	240.00	146.74	63.58	48.01
	#F01684	77.00	63.00	80.00	57.27	64.02	44.37
	#F01685	62.00	85.00	112.00	78.88	64.75	47.38
04	#F01301	77.00	130.00	198.00	100.41	56.00	48.70
	#F01302	75.00	112.00	144.00	99.91	54.00	48.69
	#F01128	70.00	120.00	235.43	158.15	71.00	45.60
	#F01129	74.00	179.00	449.01	282.15	69.42	43.12
	#F01130	73.00	121.00	141.27	107.71	76.51	46.41
	#F01118	66.00	126.00	303.31	205.40	72.33	47.16
	#F01121	81.00	135.00	163.36	145.00	58.85	45.80
	#F01113	69.00	122.00	65.00	47.51	73.03	41.52
	#F01114	71.00	126.00	309.77	262.67	70.29	42.50
	#F01115	69.00	128.00	258.76	170.78	72.60	41.40
05	#F01314	77.00	145.00	240.00	82.87	65.57	46.29
	#F01111	61.00	107.00	312.69	204.30	70.92	43.78
	#F01107	75.00	105.00	161.00	105.48	61.31	42.29
06	#F01123	78.00	79.00	109.67	71.43	35.48	41.30
	#F01124	59.00	132.00	512.31	446.51	78.86	44.37
	#F01125	69.00	125.00	150.00	114.90	55.00	44.30
	#F01126	61.00	116.00	260.36	84.35	81.29	46.77
07	#F01306	75.00	125.00	125.00	43.16	54.00	48.72
08	#F01493	71.00	108.00	149.00	135.73	61.00	46.46
	#F01495	75.00	134.00	123.00	83.18	59.12	48.04
	#F01497	76.00	107.00	105.00	70.65	61.57	44.81
	#F01510	79.00	121.00	96.00	115.57	68.04	45.37
	#F01662	71.00	82.00	74.00	78.67	56.32	46.17
	#F01481	69.00	118.00	126.00	145.99	68.14	48.26
09	#F01482	76.00	127.00	151.00	100.23	62.90	47.11
	#F01483	71.00	169.00	169.00	185.64	70.85	45.38
	#F01484	84.00	85.00	54.00	42.79	67.94	48.22
	#F01485	73.00	97.00	117.00	77.94	63.60	48.80
	#F01664	64.00	127.00	107.00	81.50	67.83	44.36
10	#F01665	65.00	56.00	64.00	33.70	26.47	44.87
	#F01667	66.00	160.00	356.00	236.78	73.46	43.24
	#F01674	66.00	111.00	194.00	130.47	64.68	43.34
11	#F01663	71.00	90.00	119.00	101.55	68.85	46.57
	#F01325	76.00	118.00	281.00	97.03	68.38	46.81
12	#F01326	74.00	145.00	282.00	97.37	67.23	44.44
	#F01327	80.00	184.00	513.00	177.14	62.51	46.44
	#F01329	80.00	125.00	255.00	88.05	60.74	43.87
	#F01330	77.00	187.00	466.00	160.91	62.21	47.45
13	#F01305	75.00	133.00	130.00	44.89	57.00	47.41
14	#F01307	76.00	123.00	178.00	61.46	69.00	45.12
	#F01308	77.00	123.00	221.90	163.61	72.51	43.90
	#F01311	81.00	122.00	60.00	20.72	69.61	47.71
	#F01312	71.00	126.00	310.00	107.04	66.76	47.59
	#F01313	86.00	181.00	102.00	77.50	70.75	46.74
15	#F01303	79.00	144.00	157.37	116.38	72.84	44.69
	#F01122	73.00	130.00	249.14	170.95	76.60	44.78
16	#F01315	77.00	158.00	259.00	89.43	66.70	48.68
	#F01316	81.00	105.00	90.00	31.08	54.21	44.73
	#F01318	70.00	144.00	170.00	58.70	69.09	44.33
	#F01320	70.00	172.00	296.00	102.21	75.25	44.72
	#F01322	80.00	139.00	88.00	30.39	68.55	48.36
	#F01127	61.00	116.00	145.00	65.27	49.29	41.79
	#F01101	73.00	170.50	228.00	78.73	63.00	47.19
	#F01102	73.00	124.00	167.78	122.56	69.65	43.18
	#F01103	71.00	92.00	130.00	90.92	67.29	43.54
17	#F01104	70.00	130.00	289.19	194.70	70.58	41.94
	#F01108	69.00	102.00	174.00	131.49	66.07	45.28
	#F01110	81.00	175.00	430.30	265.94	71.30	44.79
	#F01112	78.00	98.00	130.59	90.08	64.02	42.24
	#F01116	69.00	109.00	253.94	165.16	66.34	43.47
	#F01117	75.00	142.00	193.53	132.62	70.42	44.28

Tabela 4. Distribuição das 98 plantas pertencentes à Família 02.

GRUPOS	GENÓTIPOS	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
01	#F02856	83.00	97.00	144.00	64.34	43.94	45.26
	#F02857	69.00	116.00	170.00	92.91	54.90	48.49
	#F02858	98.00	93.00	151.00	89.02	66.74	40.95
	#F02859	77.00	143.00	349.00	153.99	45.00	38.84
02	#F02849	77.00	119.00	256.00	124.24	50.78	48.22
	#F02850	70.00	131.00	211.00	134.85	71.08	46.74
	#F02853	70.00	84.00	153.00	67.00	38.44	47.47
	#F02854	86.00	91.00	81.00	55.60	63.32	44.10
	#F02855	83.00	75.00	106.00	40.71	35.18	40.39

	#F02072	59.00	65.00	87.00	36.36	42.42	39.84
	#F02071	57.00	49.00	15.00	11.31	78.30	42.82
03	#F02073	72.00	96.00	126.00	64.78	48.93	43.71
	#F02076	67.00	116.00	166.00	26.64	50.66	45.02
	#F02077	68.00	81.00	140.00	43.80	38.23	35.17
	#F02430	70.00	70.00	101.00	33.47	30.42	34.74
	#F02427	81.00	80.00	117.00	57.90	44.94	41.61
04	#F02428	85.00	109.00	78.00	36.64	21.42	46.17
	#F02431	65.00	121.00	221.00	143.14	62.88	46.30
	#F02433	77.00	102.00	132.00	63.95	43.00	45.54
	#F02439	76.00	99.00	25.00	13.42	55.00	45.51
	#F02441	73.00	75.00	270.00	111.58	42.12	45.24
	#F02443	64.00	96.00	206.00	105.59	41.67	47.75
05	#F02444	65.00	79.00	145.00	60.23	40.27	44.82
	#F02447	77.00	62.00	117.00	50.51	37.63	37.07
	#F02448	84.00	94.00	177.00	79.21	46.13	47.97
06	#F02074	75.00	135.00	246.00	87.00	56.60	46.04
07	#F02839	80.00	132.00	268.00	126.66	48.81	45.82
	#F02457	69.00	83.00	123.00	72.17	45.00	40.20
	#F02460	82.00	103.00	100.00	54.00	37.00	45.73
08	#F02461	84.00	112.00	124.00	46.06	34.41	40.43
	#F02462	63.00	127.00	355.00	147.01	34.00	45.42
	#F02463	73.00	102.00	322.00	147.24	45.03	47.18
09	#F02449	70.00	79.00	138.00	78.30	42.12	48.39
	#F02450	67.00	118.00	174.00	125.52	41.67	43.99
	#F02451	84.00	105.00	165.00	68.85	38.63	44.22
	#F02452	69.00	89.00	170.00	66.79	36.06	45.40
	#F02453	63.00	134.00	448.00	264.63	67.44	47.46
	#F02454	76.00	78.00	89.00	43.24	43.48	45.96
	#F02455	79.00	62.00	152.00	66.20	38.16	39.55
	#F02456	79.00	68.00	47.00	23.31	39.00	48.24
	#F02420	63.00	69.00	101.00	79.26	56.68	42.72
10	#F02421	71.00	86.00	161.00	100.11	56.59	44.18
	#F02424	76.00	75.00	129.00	56.93	41.06	44.08
	#F02425	76.00	112.00	119.00	55.61	42.19	48.24
	#F02426	75.00	64.00	84.00	34.84	38.36	42.98
11	#F02078	67.00	87.00	210.08	103.19	48.19	45.21
	#F02079	66.00	110.00	378.75	175.18	47.10	49.18
	#F02080	78.00	112.00	217.59	126.17	59.36	45.39
	#F02081	69.00	114.00	158.59	56.31	66.34	41.66
	#F02083	76.00	57.00	74.00	21.64	36.44	27.73
	#F02435	65.00	90.00	127.00	80.50	59.08	40.27
12	#F02436	77.00	73.00	64.00	46.17	55.12	38.66
	#F02437	78.00	68.00	95.00	41.10	54.00	38.26
	#F02438	76.00	123.00	62.00	36.38	56.00	44.25
	#F02465	63.00	84.00	65.00	31.39	44.76	45.57
	#F02466	75.00	111.00	206.00	113.14	53.31	46.32
13	#F02467	82.00	88.00	136.00	66.72	45.57	44.74
	#F02468	81.00	84.00	134.00	64.58	45.13	47.45
	#F02470	67.00	91.00	163.00	91.58	57.15	44.50
	#F02832	91.00	114.00	207.00	92.64	39.71	23.40
	#F02833	84.00	98.00	190.00	82.36	37.67	47.03
14	#F02834	84.00	103.00	168.00	66.74	44.86	42.26
	#F02836	86.00	121.00	114.00	85.09	64.43	42.28
	#F02837	79.00	124.00	189.00	93.96	41.95	47.08
	#F02842	85.00	110.00	115.00	55.74	44.86	41.67
	#F02845	98.00	101.00	214.00	123.98	49.53	46.08
15	#F02846	77.00	104.00	271.00	117.61	41.80	47.48
	#F02847	72.00	83.00	191.00	109.92	53.82	47.87
	#F02848	73.00	132.00	264.00	158.40	48.75	45.73
	#F02084	67.00	129.00	402.47	224.48	53.48	41.72
16	#F02085	76.00	103.00	189.00	85.44	43.63	46.28
	#F02086	69.00	88.00	198.00	76.93	48.38	41.30
	#F02088	69.00	54.00	61.00	31.34	47.18	35.41
17	#F02838	66.00	161.00	203.00	93.89	42.98	47.44
	#F02841	89.00	98.00	89.00	55.74	53.36	43.36
18	#F02089	85.00	176.00	97.00	46.45	40.07	37.54
	#F02090	68.00	110.00	233.30	115.18	48.61	48.70
	#F02411	82.00	125.00	156.00	98.63	56.99	46.80
	#F02413	67.00	89.00	59.00	32.69	44.54	44.55
	#F02412	76.00	57.00	106.00	32.20	27.27	39.43
	#F02414	79.00	90.00	62.00	32.15	43.52	44.20
	#F02415	89.00	112.00	147.00	83.85	50.93	43.06
19	#F02416	76.00	89.00	99.00	64.80	54.26	45.30
	#F02417	79.00	50.00	185.00	100.00	50.67	43.96
	#F02419	89.00	63.00	142.00	62.89	40.93	42.94
	#F02434	70.00	96.00	171.00	106.87	58.06	45.97
20	#F02070	58.00	68.00	123.00	43.19	55.38	34.65
	#F02087	75.00	89.00	181.00	77.41	40.51	42.96
	#F02064	60.00	96.00	170.00	61.85	38.49	41.33
	#F02065	68.00	100.00	152.00	85.56	59.61	44.59
21	#F02066	69.00	105.00	117.00	41.61	37.10	38.56
	#F02067	65.00	77.00	95.00	47.11	49.80	43.75
	#F02069	66.00	85.00	125.00	42.60	35.13	35.62

22	#F02843	93.00	75.00	80.00	29.39	31.44	49.37
	#F02061	67.00	80.00	131.00	54.69	38.14	45.76
	#F02062	58.00	90.00	141.00	61.36	48.35	46.68
	#F02063	64.00	87.00	152.00	52.61	33.26	41.10

Tabela 5. Distribuição das 82 plantas pertencentes à Família 03.

GRUPOS	GENÓTIPOS	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
01	#F03362	83.00	99.00	133.00	45.92	65.22	43.53
	#F03363	86.00	130.00	198.00	68.37	68.01	42.69
	#F03366	79.00	182.00	232.00	80.11	74.01	42.97
	#F03367	82.00	141.00	321.00	110.84	50.41	44.42
	#F03369	84.00	137.00	297.00	102.55	64.76	41.92
02	#F03382	85.00	151.00	67.00	53.00	65.32	41.51
	#F03385	88.00	141.00	56.00	36.01	67.00	34.17
	#F03386	84.00	128.00	85.00	58.04	57.46	40.57
	#F03387	87.00	162.00	45.00	31.19	56.68	38.75
	#F03384	97.00	138.00	67.00	41.80	57.05	41.17
03	#F03371	69.00	141.00	291.36	123.00	78.22	43.51
	#F03370	84.00	187.00	435.00	150.21	64.31	42.79
	#F03372	98.00	134.00	80.00	50.40	56.76	42.91
	#F03373	85.00	107.00	54.00	42.35	62.22	44.52
	#F03375	84.00	122.00	53.00	37.83	65.18	40.44
04	#F03376	89.00	126.00	59.00	37.90	65.00	43.02
	#F03377	93.00	130.00	67.00	49.60	59.92	45.15
	#F03378	88.00	121.00	55.00	37.70	60.18	46.78
	#F03380	87.00	125.00	59.00	36.11	60.88	46.06
	#F03381	87.00	158.00	43.00	27.73	58.44	45.01
05	#F03388	85.00	128.00	100.00	72.31	60.99	41.23
	#F03553	87.00	137.00	132.00	94.17	64.92	45.03
	#F03554	95.00	126.00	120.00	74.62	65.00	42.91
	#F03390	82.00	117.00	98.00	77.75	60.96	44.29
	#F03389	89.00	122.00	101.00	64.32	63.00	37.54
06	#F03568	83.00	159.00	87.00	93.00	64.41	44.95
	#F03577	77.00	141.00	63.00	117.78	70.46	42.69
	#F03580	82.00	127.00	69.00	97.92	59.50	40.66
07	#F03792	83.00	135.00	194.00	122.65	65.00	40.99
	#F03793	98.00	134.00	223.00	164.26	65.08	41.34
	#F03794	82.00	122.00	132.00	90.93	67.18	42.28
	#F03795	84.00	139.00	118.00	80.21	60.43	42.42
	#F03796	80.00	103.00	129.00	75.83	58.80	47.76
08	#F0344	86.00	126.00	99.00	112.89	34.35	45.52
	#F0346	80.00	133.00	216.71	151.51	69.81	42.97
	#F0347	71.00	183.00	262.29	123.40	82.94	40.79
	#F0348	81.00	151.00	152.30	112.59	81.56	42.02
	#F0350	74.00	109.00	114.00	88.37	75.83	42.37
09	#F0351	85.00	81.00	45.00	28.52	69.08	44.23
	#F0352	80.00	77.00	97.00	74.76	62.93	44.83
	#F0353	80.00	104.00	258.65	156.76	65.21	39.94
	#F0354	80.00	81.00	101.00	62.79	67.18	36.89
	#F0355	74.00	114.00	150.19	98.80	74.30	44.45
10	#F03797	77.00	117.00	128.00	95.37	87.00	39.62
	#F03803	86.00	113.00	304.00	192.26	59.87	43.30
	#F03805	86.00	148.00	88.00	77.90	68.27	43.94
	#F03800	76.00	123.00	143.00	81.66	58.16	47.34
11	#F03566	94.00	108.00	50.00	57.31	53.88	41.68
	#F03569	79.00	150.00	120.00	161.73	70.41	42.20
12	#F03572	81.00	143.00	95.00	125.96	65.81	45.73
	#F03574	83.00	80.00	51.00	34.92	56.06	47.41
	#F03575	91.00	104.00	130.00	86.50	53.12	43.01
	#F03576	80.00	158.00	121.00	117.21	68.95	40.94
	#F03579	82.00	121.00	54.00	119.90	68.12	41.53
13	#F03565	96.00	110.00	68.00	66.61	61.12	44.35
	#F0356	70.00	117.00	174.77	120.95	73.05	42.84
	#F0357	81.00	113.00	188.47	128.41	67.44	46.57
	#F0358	82.00	141.00	108.00	83.67	74.92	45.02
	#F0359	73.00	153.00	121.27	89.18	73.80	42.83
	#F03361	84.00	98.00	80.00	27.62	62.06	45.55
	#F0338	75.00	129.00	198.91	127.63	69.24	49.25
	#F03556	86.00	151.00	78.00	129.15	58.46	43.30
	#F03558	85.00	148.00	90.00	79.81	29.86	44.52
	#F03559	82.00	128.00	106.00	92.23	64.50	43.07
	#F03570	81.00	132.00	76.00	140.60	70.12	42.72
	#F03562	83.00	135.00	101.00	86.21	45.40	46.14
	#F03804	85.00	178.00	248.00	176.79	72.33	37.74
	#F03806	78.00	161.00	360.00	216.25	59.64	40.07
	#F03810	81.00	123.00	266.00	158.73	58.86	33.60
	#F03812	73.00	109.00	105.00	65.53	58.28	42.37
	#F0343	83.00	120.00	230.09	147.47	74.30	41.52
#F03555	82.00	120.00	76.00	54.57	64.09	43.94	
#F03379	87.00	113.00	73.00	49.52	59.06	45.09	
15	#F0336	76.00	89.00	196.47	117.92	70.83	44.61
	#F0340	77.00	108.00	175.99	115.35	70.46	47.77
16	#F0331	88.00	130.00	56.72	35.17	70.96	45.15

#F0332	79.00	113.00	273.17	173.09	76.85	46.43
#F0333	70.00	130.00	153.00	94.80	75.31	43.76
#F0334	72.00	123.00	173.61	128.64	79.33	44.75
#F0335	76.00	122.00	213.71	147.37	73.35	41.37
#F0341	79.00	91.00	72.00	43.55	59.73	44.23
#F0342	84.00	96.00	89.00	55.36	63.24	46.06

Tabela 6. Distribuição das 73 plantas pertencentes à Família 04.

GRUPOS	GENÓTIPOS	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
01	#F04742	74.00	120.00	198.00	148.50	61.27	47.53
	#F04278	75.00	76.00	157.00	72.24	45.49	48.04
	#F0418	75.00	86.00	189.00	83.67	46.87	45.04
	#F0428	90.00	159.00	90.00	120.30	61.65	43.94
	#F0429	93.00	119.00	50.00	31.50	58.28	44.76
	#F0430	99.00	98.00	172.00	142.54	54.00	46.43
	#F04251	87.00	132.00	106.00	70.00	43.72	47.23
#F04252	66.00	101.00	233.00	122.06	48.52	49.82	
02	#F04253	78.00	86.00	82.00	40.34	50.00	47.64
	#F04254	71.00	102.00	202.00	108.07	48.02	48.89
	#F04258	85.00	124.00	108.00	88.01	73.20	43.82
	#F04260	73.00	139.00	134.00	142.61	74.00	44.64
	#F04261	70.00	120.00	228.00	125.42	53.14	48.83
03	#F04528	77.00	97.00	142.00	70.68	44.31	44.70
	#F04533	73.00	103.00	200.00	109.72	47.59	43.39
	#F04538	70.00	135.00	169.00	58.36	57.84	45.72
	#F04541	79.00	110.00	194.00	206.05	52.38	44.08
	#F04542	73.00	159.00	172.00	88.52	50.38	46.47
04	#F04770	82.00	118.00	102.00	30.69	52.24	43.56
	#F04756	85.00	118.00	100.00	142.71	80.20	43.71
	#F04757	97.00	112.00	132.00	67.30	46.04	49.36
	#F04758	74.00	103.00	257.00	135.07	48.61	43.56
	#F04761	82.00	123.00	160.00	95.83	53.21	46.93
#F04763	76.00	152.00	293.00	223.52	50.51	44.30	
05	#F04525	76.00	66.00	29.00	18.37	50.80	45.60
	#F04546	72.00	118.00	183.00	125.78	49.95	45.51
06	#F04262	73.00	119.00	152.00	109.62	68.05	43.67
	#F04269	82.00	119.00	191.00	109.96	50.91	45.78
	#F04270	73.00	64.00	103.00	60.92	53.16	44.70
	#F04275	78.00	129.00	283.00	148.68	52.94	46.70
#F04276	73.00	134.00	187.00	102.00	53.09	44.57	
07	#F04755	86.00	217.00	70.00	116.71	62.34	45.67
	#F04768	79.00	112.00	79.00	47.26	46.68	45.77
	#F04765	75.00	84.00	55.00	38.32	52.93	47.14
	#F04764	73.00	147.00	245.00	208.02	42.00	44.81
08	#F046	70.00	94.00	324.00	177.17	52.28	38.25
	#F048	76.00	100.00	222.00	159.64	75.40	42.67
	#F049	65.00	70.00	190.00	106.90	57.23	45.97
	#F0410	83.00	112.00	120.00	69.64	63.60	45.43
	#F0411	78.00	71.00	149.00	100.28	68.27	40.35
	#F0420	81.00	132.00	321.08	182.06	53.60	42.14
	#F0424	77.00	108.00	189.00	103.91	55.02	44.55
09	#F042	82.00	93.00	138.00	94.16	64.84	43.08
	#F043	74.00	122.00	292.00	203.34	80.92	40.34
	#F044	81.00	125.00	294.00	178.15	57.25	44.43
	#F045	71.00	138.00	359.00	201.61	51.42	46.22
	#F04743	75.00	123.00	162.00	174.76	44.04	46.93
10	#F04744	72.00	123.00	189.76	83.49	46.00	45.37
	#F04745	71.00	163.00	219.00	251.77	67.81	44.39
	#F04747	69.00	113.00	184.00	86.29	43.37	46.71
	#F04748	77.00	145.00	198.98	141.11	53.22	44.02
11	#F04547	89.00	132.00	96.00	32.83	29.55	30.78
	#F04548	80.00	92.00	147.00	177.40	35.87	41.39
12	#F04549	86.00	162.00	159.00	114.50	57.86	44.64
	#F04544	82.00	162.00	186.00	80.85	43.21	46.62
	#F04749	74.00	78.00	136.00	117.89	65.29	43.48
13	#F04753	85.00	209.00	198.00	239.20	58.04	44.51
	#F04754	82.00	96.00	77.00	37.39	41.96	41.15
	#F0415	82.00	87.00	132.00	71.25	52.78	45.61
14	#F0416	82.00	116.00	164.00	91.42	45.00	43.53
	#F0417	75.00	80.00	135.00	62.00	46.11	46.97
	#F0425	71.00	140.00	333.45	239.00	79.02	46.81
	#F0419	77.00	103.00	163.00	103.15	47.00	48.12
	#F04769	73.00	117.00	191.00	27.99	49.09	46.38
16	#F0423	77.00	100.00	240.00	80.02	46.87	44.52
	#F04532	72.00	117.00	150.00	104.11	54.10	48.37
17	#F0412	87.00	85.00	133.00	61.73	46.11	47.02
	#F0413	71.00	81.00	239.00	110.07	68.27	44.57
	#F0421	70.00	109.00	327.53	223.12	74.37	41.54
	#F0422	81.00	87.00	182.00	122.86	80.53	38.52

	#F0426	81.00	132.00	316.00	184.96	59.57	46.52
	#F0427	78.00	106.00	162.00	98.08	48.62	46.27
18	#F041	82.00	87.00	132.00	71.25	52.78	45.61

Tabela 7. Distribuição das 71 plantas pertencentes à Família 05.

GRUPOS	GENÓTIPOS	FLO	EP	NSP	PSP	P100	TOS
01	#F05181	81.00	70.00	166.00	36.49	29.73	39.81
	#F05182	69.00	116.00	427.81	157.58	34.02	48.36
	#F05183	83.00	81.00	118.00	40.88	34.63	45.28
	#F05184	80.00	99.00	146.07	55.23	31.36	47.99
	#F05185	69.00	98.00	338.40	119.29	31.24	46.81
02	#F05720	74.00	95.00	255.00	89.15	32.31	46.95
	#F05726	71.00	97.00	193.00	62.80	34.00	46.21
	#F05710	71.00	116.00	342.00	179.14	57.12	46.65
	#F05718	77.00	97.00	168.00	60.58	35.40	47.41
	#F05719	65.00	136.00	359.20	182.74	48.21	48.72
	#F05723	84.00	120.00	135.41	52.37	38.65	45.12
03	#F05605	76.00	108.00	165.00	122.97	31.45	44.87
	#F05616	65.00	152.00	168.14	93.34	36.80	44.30
	#F05607	79.00	111.00	178.21	61.39	33.26	45.12
	#F05630	63.00	141.00	166.98	95.24	67.14	44.48
	#F05602	81.00	125.00	189.00	72.50	32.25	46.57
	#F05625	81.00	168.00	307.00	106.01	36.00	41.00
	#F05621	87.00	97.00	26.00	27.72	29.00	43.84
	#F05623	93.00	102.00	135.00	70.69	35.17	49.87
	#F05606	86.00	98.00	94.00	69.74	34.31	44.24
	#F05708	82.00	103.00	181.00	79.87	33.32	48.52
	#F05701	95.00	108.00	99.00	40.03	33.25	47.53
04	#F05703	78.00	104.00	312.00	210.10	69.26	48.63
	#F05705	74.00	77.00	33.00	11.11	63.00	45.36
	#F05706	78.00	120.00	50.00	16.00	-9.00	46.46
05	#F05702	79.00	116.00	520.00	211.24	32.90	46.23
	#F05622	85.00	104.00	195.00	94.48	33.29	45.39
	#F05618	74.00	113.00	184.00	100.85	29.47	45.38
	#F05612	93.00	124.00	117.00	85.50	58.96	47.60
	#F05613	87.00	112.00	142.00	109.47	62.53	45.58
	#F05604	86.00	104.00	106.00	57.16	35.00	44.36
	#F05615	86.00	80.00	94.42	34.85	73.16	48.69
06	#F05354	81.00	112.00	156.00	62.13	34.02	45.37
	#F05355	73.00	109.00	184.00	47.74	32.41	48.55
	#F05357	70.00	98.00	191.00	44.72	33.27	47.42
	#F05358	86.00	137.00	131.00	57.92	33.43	46.17
	#F05601	97.00	85.00	83.00	30.30	33.88	48.04
07	#F05349	81.00	168.00	151.00	74.05	32.20	47.12
08	#F05348	96.00	92.00	95.00	32.80	33.02	48.26
	#F05350	83.00	141.00	401.00	138.47	34.72	45.38
	#F05351	94.00	92.00	84.00	27.30	30.06	48.22
	#F05352	81.00	91.00	144.00	74.31	47.12	45.95
	#F05353	95.00	108.00	99.00	40.03	33.25	47.53
	#F05611	88.00	105.00	95.00	54.47	32.48	48.01
	#F05629	77.00	103.00	98.00	87.46	29.81	44.37
	#F05704	80.00	95.00	205.00	77.69	63.00	48.77
	#F05713	72.00	99.00	159.00	69.23	32.75	49.54
	#F05610	75.00	109.00	180.76	63.90	34.14	43.87
09	#F05174	76.00	102.00	244.34	101.60	36.24	46.29
	#F05175	77.00	45.00	55.00	18.81	37.00	48.68
	#F05179	75.00	123.00	275.66	104.48	35.01	44.73
	#F05178	81.00	142.00	85.00	50.43	52.94	44.33
	#F05180	81.00	119.00	171.00	105.47	57.51	44.72
	#F05335	89.00	128.00	192.00	66.11	32.19	48.80
	#F05342	82.00	104.00	110.00	37.98	34.10	44.25
	#F05344	93.00	129.00	284.00	98.07	33.28	46.50
	#F05346	81.00	134.00	635.00	219.27	34.00	45.14
	#F05347	81.00	140.00	428.00	147.79	33.03	44.81
10	#F05186	70.00	123.00	281.92	123.29	32.20	44.44
	#F05187	81.00	94.00	139.07	52.97	34.01	46.44
	#F05190	72.00	97.00	228.29	88.06	35.14	47.45
	#F05332	87.00	126.00	203.00	71.58	32.39	47.11
11	#F05170	78.00	114.00	265.00	184.99	53.00	47.19
	#F05171	78.00	109.00	208.42	85.24	35.21	47.71
	#F05172	69.00	123.00	373.11	155.92	36.38	47.59
	#F05173	76.00	132.00	305.69	123.70	33.70	46.74
	#F05168	63.00	166.00	609.18	297.91	49.31	48.70