



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

AVALIAÇÃO DE POPULAÇÃO SEGREGANTE (F_3) DE MAMONEIRA
EM CONDIÇÕES DO RECÔNCAVO BAIANO

RONALDO SIMÃO DE OLIVEIRA

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
FEVEREIRO - 2011

AVALIAÇÃO DE POPULAÇÃO SEGREGANTE (F₃) DE MAMONEIRA
EM CONDIÇÕES DO RECÔNCAVO BAIANO

RONALDO SIMÃO DE OLIVEIRA

Engenheiro Agrônomo

Universidade do Estado da Bahia, 2009

Dissertação submetida ao Colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Ciências Agrárias, Área de Concentração (Fitotecnia).

Orientador: Prof(a). Dr(a) SIMONE ALVES SILVA

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
MESTRADO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2011

FICHA CATALOGRÁFICA

O48 Oliveira, Ronaldo Simão de.
Avaliação de população segregante (F_3) de mamoneira em condições do Recôncavo Baiano / Ronaldo Simão de Oliveira. _ . Cruz das Almas - BA, 2011.
51f.; il.

Orientadora: Simone Alves Silva.

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

1.Mamona - cultivares. 2. Melhoramento genético. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Título.

CDD: 633.8

Ao meu pai

Sebastião Simão de Oliveira

Pelo homem guerreiro e batalhador que sempre foi e continua sendo para ver
seus filhos nos mais altos degraus da vida.

DEDICO!!!

À minha mãe

Marilene Figueredo de Oliveira

Por não ter medido esforços para me proporcionar uma educação de qualidade.

OFEREÇO!!!

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado vida e saúde para alcançar essa vitória.

À minha grande família, Pai, Mãe e irmãos, por tudo que fizeram para que eu realizasse esse sonho. Valeu mesmo!

À minha querida noiva, Francielle Novaes Dourado, pela compreensão, dedicação e amor.

À família Saldanha e Brito (Saldanha, Dona Concinha, Rodrigo e Fernanda), pelo carinho, amizade e acolhimento em sua residência. Serei eternamente grato.

Ao programa de Pós Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, pela oportunidade e aos professores que colaboraram para minha formação.

À orientadora Dr^a. Simone Alves Silva, pelo suporte na condução do trabalho.

A CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela concessão da bolsa de auxílio financeiro.

Aos membros do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia, em especial a Ebenézer, Bruno e Luciel, pela amizade e apoio no desenvolvimento do trabalho.

À Embrapa Algodão, na pessoa do Dr. Everaldo Paulo de Medeiros, pela disponibilidade do Laboratório Avançado de Tecnologia Química para a quantificação do teor de óleo.

E a todos aqueles, que direta ou indiretamente contribuíram para que esse trabalho fosse realizado.

MEU MUITO OBRIGADO!!!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO.....	01
Capítulo 1	
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PELO MÉTODO REML/BLUP EM UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE (F ₃) DE MAMONEIRA.....	08
Capítulo 2	
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MAMONEIRA UTILIZANDO A ESTRATÉGIA WARD-MLM.....	24
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	39

AVALIAÇÃO DE POPULAÇÃO SEGREGANTE (F₃) DE MAMONEIRA EM CONDIÇÕES DO RECÔNCAVO BAIANO

Autor: Ronaldo Simão de Oliveira

Orientador(a): Simone Alves Silva

RESUMO: O objetivo desse trabalho foi avaliar uma população segregante F₃ de mamoneira oriunda de cruzamentos em dialélico parcial 4x2 entre as cultivares BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu, EBDA MPA 17, Mirante 10 e Sipeal 28. O experimento foi conduzido no campo experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia– NBIO, da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB em Cruz das Almas, BA, entre abril de 2009 e março de 2010 nas coordenadas geográficas 40°39'S e 39°06'23"W, a 220 m de altitude, em regime de sequeiro. A área foi preparada por meio de roçagem, subsolagem, aração e gradagem e as adubações foram baseadas na análise de solo. O plantio foi efetuado em blocos casualizados com quatro repetições, num espaçamento de 3 x 1 m e os tratamentos culturais foram feitos de acordo com as necessidades da cultura. Com os valores obtidos de 17 caracteres avaliados, estimou-se os parâmetros genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP e a divergência genética por meio da estratégia Ward-MLM. A predição dos parâmetros mostrou que existe variabilidade genética na população segregante F₃ e fortes correlações genéticas entre os caracteres. Em relação à divergência genética, percebeu-se a formação de quatro grupos, sendo que os caracteres de maior contribuição foram o peso de fruto por planta, peso de racemo por planta, produtividade e peso do racemo. Os resultados indicam a existência de variabilidade genética na população F₃ e possibilidade de que a forte correlação entre os caracteres pode facilitar a seleção, gerando genótipos altamente produtivos em condições de baixas altitudes.

Palavras chave: *Ricinus communis* L., parâmetros genéticos e divergência genética.

EVALUATION OF SEGREGATING POPULATION (F₃) OF CASTORBEAN UNDER CONDITIONS OF BAHIA RECÔNCAVO REGION

Author: Ronaldo Simão de Oliveira

Adivisor: Simone Alves Silva

ABSTRACT: The objective of this work was evaluate a F₃ segregating population of castorbean originated by a partial diallel 4x2 among cultivars BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu, EBDA MPA 17, Mirante 10 e Sipeal 28. The experiment was conducted at the experimental field of the Center of Biotechnology and Genetic Improvement - NBIO, Bahia Recôncavo Federal University, in Cruz das Almas - BA between April 2009 and March 2010 in the geographic coordinates 40 ° 39'S and 39 ° 06'23 "W, 220 m altitude, under rainfed conditions. The area was prepared by mowing, subsoling, plowing and harrowing, being the fertilization was based on soil analysis. The planting was accomplished in randomized blocks design a density of 3 x 1 m and practices were made according to the needs of culture. With the values of the 17 traits evaluated, were estimated genetic parameters using the REML / BLUP methodology and genetic divergence by the Ward-MLM strategy. The prediction of the parameters showed that there is genetic variability in the F₃ segregating population and strong genetic correlations among traits. In relation to genetic divergence it was noticed the formation of four groups. The characters that more contributed were the weight of fruit per plant, raceme weight per plant, productivity and weight of the raceme. The results indicate the existence of variation in F₃ and the possibility that the strong correlation between traits may facilitate the selection, generating highly productive genotypes at low altitudes.

Key words: *Ricinus communis* L., genetic parameters and genetic divergence

INTRODUÇÃO

A mamona (*Ricinus communis* L.) também chamada como carrapateira ou rícino, pertence à família das euforbiáceas e é cultivada em mais de 15 países no mundo devido à importância comercial do seu óleo. A Índia, a China e o Brasil são os três maiores produtores de sementes dessa oleaginosa. A produção no Brasil, na safra de 2009/2010 foi de 173.000 t. Desse total, o Nordeste brasileiro contribuiu com 151.000 t, o que representa 87% da produção (IBGE, 2010).

O plantio comercial ocorre praticamente em todos os estados nordestinos, com exceção de Sergipe e Maranhão, onde não há registros de área cultivada com mamona (AMORIM NETO et al., 2001), sendo a Bahia o maior produtor nacional. No semiárido baiano essa oleaginosa é plantada em quase todos os municípios, sendo Cafarnaum e Ourolândia os maiores produtores (SEAGRI, 2009). Além da importância econômica para a região, a cultura se apresenta como uma alternativa de relevante valor social devido à maioria das áreas ser cultivada por pequenos produtores, o que garante o sustento de milhares de famílias de baixa renda.

De acordo com Carvalho (2005), os agricultores nordestinos consideram a carrapateira como um seguro em anos de seca, uma vez que as lavouras de milho e feijão têm perdas irreversíveis em períodos de veranico superiores a 30 dias, enquanto que na mamona a perda não é total.

A mamoneira está entre as principais matérias-primas produtoras de óleos vegetais utilizados na oleoquímica, em escala mundial, devendo-se ao fato de que, em muitas de suas aplicações, não se pode substituir seu óleo por outros óleos vegetais, em geral usados na alimentação (FREIRE, 2001). O óleo de rícino extraído das sementes possui uma enorme versatilidade química no ramo industrial, com capacidade de ser utilizado em rotas de síntese para uma grande quantidade de produtos, com aproveitamento na área de cosméticos,

lubrificantes, polímeros, entre outros, podendo ser também substituto do petróleo na síntese de produtos, incluindo o diesel mineral (CHIERICE & NETO, 2001).

Essa oleaginosa pode ser uma das mais importantes produtoras para a fabricação de biodiesel, em quase todos os estados do Brasil, especialmente no Nordeste, provocando um incremento no agronegócio da região. Sua expansão possibilita resultados positivos nos cenários econômicos e sociais, a partir da evolução do próprio mercado interno e das condições à exportação. As possibilidades de vendas para o comércio internacional também são muito amplas. Estudos multidisciplinares recentes sobre o agronegócio da mamona concluíram que no atual momento é o plantio de sequeiro mais rentável em certas áreas do nordeste brasileiro (DÁLIA, 2006).

Apesar das possibilidades de expansão da cultura, tem sido registradas reduções de produção e produtividade. O estado da Bahia, maior produtor isolado, com 63% da produção nacional, registrou uma estimativa de decréscimo na produção em 2009/2010 de 43% (de 99,3 para 56,6 mil toneladas). A produtividade também reduziu 30,7% de 807 para 559 kg/ha (SEAGRI, 2009).

A possível causa dessa queda no rendimento está relacionada ao manejo que é utilizado no estado, cujo sistema de produção é bastante precário. Por ser plantada por agricultores familiares, normalmente é cultivada em consórcio com feijão e milho. As áreas dificilmente passam pelos processos de mecanização, não existe a utilização de fertilizantes agrícolas e o plantio é feito com variedades locais, pouco produtivas e desuniformes. Por isso, torna-se necessário um fomento à ricinocultura, que deve ser acompanhado de investimentos em pesquisas agronômicas.

Em função da demanda gerada pelo Programa Nacional de Biodiesel, alterações de métodos e estratégias de melhoramento têm sido adotadas pelos melhoristas de mamoneira, buscando desenvolver variedades adaptadas a diversos ambientes.

O melhoramento dessa espécie, assim como de outras, pode ser dividido em dois estágios: desenvolvimento de população segregante via introdução ou hibridização e ensaios com variedades e híbridos já existentes, com testes de progênies em ambientes específicos. Com estes materiais ou acessos são formadas populações de base genética ampla, onde é feita a seleção.

Os trabalhos de melhoramento genético de mamoneira no Brasil foram iniciados pelo Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, em 1936 (KRUG et al., 1943). A partir de 1937 foram instalados vários ensaios de competição de genótipos de portes alto e baixo visando à identificação de cultivares mais produtivas, bem como a realização de trabalhos de melhoramento.

Na Bahia, os experimentos começaram nos anos 60 no Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Leste – IPEAL, com sede em Cruz das Almas. Com a extinção desse órgão, os trabalhos passaram a ser conduzidos, a partir de 1974, pela Empresa de Pesquisa Agropecuária da Bahia – EPABA, atualmente EBDA - Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola, sendo que a gerência regional de Itaberaba foi a responsável por conduzir os experimentos de mamona a partir dos anos 80 (NÓBREGA, 2008; CERQUEIRA, 2008).

A EBDA já lançou cultivares com características agronômicas bem adaptadas às condições edafoclimáticas de algumas regiões da Bahia. A variedade de maior destaque foi a Sipeal 28, que apresenta porte médio, caule roxo, sem cera, frutos deiscentes, sementes de cor preta, floração do primeiro cacho com 55 dias, teor de óleo nas sementes de 47,3% e produtividade média em condições de sequeiro de 1300 kg.ha⁻¹ de bagas (BELTRÃO et al., 2006). Bahia et al. (2008) avaliaram essa mesma variedade em condições de baixa altitude e a média do rendimento de sementes observado foi de 1347,33 kg.ha⁻¹, enquanto Sampaio Filho (2009), em dois anos de avaliação, obteve 991,86 kg.ha⁻¹ e 636,42 kg.ha⁻¹, respectivamente.

A mamoneira é uma planta monoica, de sistema de cruzamento misto. A exploração da heterose é possível usando-se linhagens, mas atualmente apenas as empresas privadas exploram as cultivares híbridas (NÓBREGA, 2008). Segundo Savy Filho (1999), a proporção de autofecundação em relação à fecundação cruzada é de 75%:25% em plantas de porte baixo e de 60%:40% em plantas de porte alto.

A autofecundação sucessiva na mamoneira não causa perda de vigor (GURGEL, 1945; FREIRE et al., 2007). Os programas de melhoramento de mamoneira no Brasil para realizar seleção vêm normalmente utilizando métodos voltados para plantas autógamas. Segundo Freire (2001), os métodos mais utilizados são: seleção individual com teste de progênies, seleção genealógica ou

linha pura, retrocruzamento, seleção massal e hibridação. Para Passos et al. (2010), métodos de melhoramento mais rigorosos, como o genealógico e 'single seed descendent' (SSD) devem ser adotados para a condução da população segregante a fim de obter maior ganho genético.

A obtenção de variabilidade genética é essencial nos programas. A escolha dos genótipos que serão utilizados deve proporcionar características agrônômicas satisfatórias. Os genótipos devem ser divergentes a fim de possibilitar uma maior recombinação entre os cruzamentos, com o intuito de obter novas constituições genéticas superiores. Segundo Allard (1971), para que ocorra maior eficiência no melhoramento genético, além da existência de variabilidade, a escolha do método adequado de condução das populações segregantes é fundamental para a obtenção de ganho genético.

Pesquisas realizadas por Beltrão et al. (2006), procuraram identificar os municípios nordestinos com aptidão para a exploração da cultura da mamona, bem como determinar as condições ideais para um plantio de qualidade, analisando os seguintes parâmetros: temperatura média do ar variando entre 20° e 30° C; precipitação pluviométrica oscilando de 500 mm a 1000 mm/ano; altitude entre 300 m e 1.500 m; solos de média e alta fertilidade natural e umidade abaixo de 80%, ideal em torno de 65%. O estudo identificou 443 municípios, distribuídos da seguinte forma: nove no Estado de Alagoas, 189 na Bahia, 74 no Ceará, 12 no Maranhão, 48 na Paraíba, 47 em Pernambuco, 42 no Piauí, 28 no Rio Grande do Norte e três em Sergipe (BELTRÃO et al., 2004).

O município de Cruz das Almas por apresentar altitude de 220 m acima do nível do mar, índice pluviométrico anual médio de 1.240 mm e umidade relativa do ar anual de 80% (EMBRAPA, 2010), ficou fora do zoneamento agrícola.

Buscando desenvolver materiais superiores de mamoneira para regiões de baixa altitude, o Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia – NBIO, pertencente à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB, com sede em Cruz das Almas, iniciou em 2005 seus trabalhos com a espécie, e desde então vem procurando compor seu programa de melhoramento por meio da hibridação e seleção de materiais de elevado potencial produtivo adaptados a áreas com altitudes inferiores a 300 m.

O programa do NBIO teve início com a introdução de cinco cultivares, sendo elas: Sipeal 28, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, Mirante 10 e EBDA MPA

17. Bahia et al. (2008) estudaram a divergência genética entre essas cinco variedades no ambiente de Cruz das Almas e observaram a formação de três grupos distintos; o grupo I foi formado pelas cultivares “EBDA MPA 17 e Sipeal 28”, o II pela “BRS 149 Nordestina e BRS 188 Paraguaçu” e o III pela “Mirante 10”. Os mesmos autores observaram que combinações promissoras são esperadas entre “Sipeal 28 x BRS 188 Paraguaçu” e “Sipeal 28 X EBDA MPA-17”, em virtude da maior dissimilaridade apresentada e do melhor desempenho médio destes híbridos na região do Recôncavo Baiano.

Cerqueira (2008), estudando as mesmas variedades através da dissimilaridade por marcadores moleculares, confirmou a variabilidade genética constatada em campo entre os materiais. Sampaio Filho (2009), estudando as mesmas cultivares por dois anos seguidos em ambiente de baixas altitudes, notou que existe variabilidade para os principais caracteres agrônômicos da cultura.

Silva (2008), em seus estudos fisiológicos com avaliação do crescimento e produtividade dessas cinco cultivares no município de Cruz das Almas constatou que o desempenho das mesmas, indica serem adaptados à região do Recôncavo Baiano, pois apresentam maior plasticidade aos efeitos do ambiente. Passos et al. (2010), estudando as populações fixas e segregantes do dialélico parcial entre essas variedades em regiões de baixa altitude, verificaram forte efeito do ambiente e reduzida herdabilidade, indicando métodos de melhoramento com genealógico e SSD na condução de populações segregantes.

Os trabalhos de melhoramento genético da espécie realizados no Brasil até o momento não focaram no desenvolvimento de cultivares para regiões de baixas altitudes. Devido à espécie apresentar grande variação para os diversos caracteres, tornou-se necessário um programa de melhoramento que possibilite o aproveitamento deste potencial na obtenção de genótipos mais produtivos, precoces, com porte reduzido, alto teor de óleo e adaptados às condições de baixa altitude.

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar uma população segregante F_3 em condições de baixa altitude, por meio da estimativa de parâmetros genéticos, correlações genéticas e divergência entre os genótipos para subsidiar o programa de melhoramento da mamoneira no Recôncavo Baiano.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo; Edgard Blucher, 1. ed., 1971. 381p.

AMORIM NETO, M. S.; ARAÚJO, A. E.; BELTRÃO, N. E. M. Clima e solo. In:____. **O Agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 1 ed., 2001. Cap.3, p. 63-67.

BAHIA, H. F. **Avaliação e seleção de genótipos de mamoneira** (*Ricinus communis* L.). 2007. 66 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

BAHIA, H. F.; SILVA, S. A.; FERNANDEZ, L. G.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.3, p.357-362, 2008.

BELTRÃO, N. E. M.; ARAÚJO, A. E.; AMARAL, J. A. B.; SEVERINO, L. S.; CARDOSO, G. D.; PEREIRA, J. R. **Zoneamento e época de plantio da mamoneira para o nordeste brasileiro**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. Disponível em <<http://cnpa.embrapa.br/mamona/zoneamentomamoneiranordeste.htm>>. Acesso em: 18 out. 2010.

BELTRÃO, N. E. M. CARTAXO, W. V.; PEREIRA, S. R. P.; SOARES, J. J.; SILVA, O. R. R. F. **O cultivo sustentável da mamona no semiárido brasileiro**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. 62p. (CNPA: Cartilha 1).

CARVALHO, B. C. L. **Manual do cultivo da mamona**. Salvador: EBDA, 2005. 65 p.

CERQUEIRA, L. S. **Variabilidade genética e teor de óleo em mamoneira visando ao melhoramento para região de baixa altitude**. 2008. 57f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias,

Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

CHIERICE, G. O. & CLARO NETO, S. Aplicação industrial do óleo. In:____. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 1 ed., 2001. Cap. 5, p. 89-118.

DÁLIA, W. S. O Futuro da indústria: biodiesel. In:____. **A Produção do Biodiesel: uma perspectiva para a agroenergia no Nordeste brasileiro**. Brasília: Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior, 2006. p 27-36.

EMBRAPA. **Centro de Pesquisa Mandioca e Fruticultura Tropical da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**. Cruz das Almas, 2010. Disponível em:<<http://www.cnpmf.embrapa.br/index.php?menu=1&p=aunidade.localizacao.php&men=1>>. Acesso em: 15 out. 2010.

FREIRE, R. M. M. Ricinoquímica. In:____. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 1. ed., 2001. Cap. 13, p. 89-118.

FREIRE, E. C.; LIMA, E. F.; ANDRADE, F. P.; MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. M. Melhoramento genético. In:____. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2. ed., 2007. Cap. 8, p. 169-194.

GURGEL, J. T. A. **Estudos sobre mamoneira** (*Ricinus communis* L.). 1945. 92 p. Tese (Livre Docência) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

IBGE. Indicadores IBGE. **Estatística da Produção Agrícola**. 2010. Disponível em:<<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/default.shtm>>. Acesso em 18 out. 2010.

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

NÓBREGA, M. B. M. **Avaliação de genótipos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) em cruzamentos dialélicos parciais**. 2008. 77p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

PASSOS, A. R., SILVA, S. A.; SOUZA, C. S.; SOUZA, C. M. M.; FERNANDES, L. S. Parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.7, p.709-714, 2010.

SAMPAIO FILHO, O. M. **Análise descritiva, agrupamento e análise de trilha de cultivares de mamoneira em dois anos de cultivo em Cruz das Almas – BA**. Cruz das Almas, 2009. 78 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

SAVY FILHO, A. Hibridação em mamona. In:____. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa. UFV, 1999, p. 331-342.

SEAGRI. **Estimativa da Safra 2008/2009 por cultura**. Salvador, BA, 2009. Disponível em: <<http://www.seagri.ba.gov.br/estimativasafracultura.pdf>>. Acesso em 18 out. 2010.

SILVA, V. **Características fisiológicas de cultivares de mamoneira (*Ricinus communis* L.) no Recôncavo Baiano**. Cruz das Almas, 2008. 73 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

CAPÍTULO 1

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PELO MÉTODO REML/BLUP EM UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE (F_3) DE MAMONEIRA¹

¹ Artigo a ser submetido ao comitê editorial do periódico científico CBAB - Crop Breeding and Applied Biotechnology

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PELO MÉTODO REML/BLUP EM UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE (F₃) DE MAMONEIRA

Autor: Ronaldo Simão de Oliveira

Orientador(a): Simone Alves Silva

RESUMO: Este trabalho objetivou estimar os parâmetros genéticos da mamoneira pelo método REML/BLUP em uma população segregante F₃ no Recôncavo Baiano. Os 265 genótipos descendentes de um cruzamento dialélico parcial 4x2 entre as cultivares BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu, EBDA MPA-17, Mirante 10 e Sipeal 28 foram plantados em abril de 2009 no campo experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia em Cruz das Almas - BA sob semeadura em abril de 2009, em regime de sequeiro. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições num espaçamento de 3x1 m. As 17 variáveis analisadas mostraram ampla variabilidade, apresentando coeficientes de variação genética entre 8,0 e 21,05 %. O valor de 0,70 para o coeficiente de variação relativa no caráter florescimento indica situação propícia para a seleção, já que a herdabilidade média de progênie equivaleu a 0,66, fato este que conduziu a uma acurácia seletiva alta (0,81). Com a seleção dos melhores 50 indivíduos, os maiores ganhos genéticos foram observados nas variáveis, número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário, produtividade e estatura de plantas com -8,02, 6,35 e 6,35, respectivamente. A correlação genotípica negativa entre número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário e produtividade, indica a possibilidade de se obter genótipos produtivos e mais precoces na seleção. A estimativa de parâmetros genéticos foi eficiente, possibilitando visualizar previsões genéticas acuradas e os possíveis ganhos de seleção.

Palavras chave: *Ricinus communis* L., melhoramento genético e correlações genéticas.

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS BY REML / BLUP METHOD IN A SEGREGATING POPULATION (F₃) OF CASTORBEAN

Author: Ronaldo Simão de Oliveira

Adivisor: Simone Alves Silva

ABSTRACT: This study aimed to estimate genetic parameters of castorbean by REML / BLUP method in a F₃ segregating population in Bahia Recôncavo. The 265 genotypes descendent from 4x2 partial diallel cross between BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu, EBDA MPA-17, Mirante 10 and Sipeal 28 were planted in April of 2009 in the experimental field of the Bahia Recôncavo Federal University, in Cruz das Almas – BA. They were seeded in seeding under April 2009, under rainfed conditions. The design was in randomized blocks with four replications in spacing of 3x1 m. The 17 variables analysed showed wide variability, with coefficients of genetic variation between 8.0 and 21.05%. The value of 0.70 for the coefficient of relative variation in flowering character indicates favorable situation for selection, since the heritability of progeny was 0.66, indicating a high selective accuracy (0.81). With the selection of the best 50 individuals, the highest genetic gains were observed in variables The number of days to appearance of first female flower of primary raceme, productivity and plant height with -8.02, 6.35 and 6.35 respectively. The negative genetic correlation between productivity and The number of days to appearance of first female flower of primary raceme, indicates the possibility of obtaining high yielding genotypes and earlier in the selection. The estimation of genetic parameters was efficient, enabling accurate genetic predictions and the possible gains with selection.

Key words: *Ricinus communis* L., breeding and genetic correlations

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma espécie de grande importância econômica por apresentar em suas sementes um óleo de excelentes propriedades químicas e de largo consumo no meio industrial. No Nordeste brasileiro, essa oleaginosa é cultivada em quase todos os municípios, onde sempre foi considerada como um seguro pelos lavradores em anos de seca. A maioria dos cultivos é realizada por pequenos produtores, que detêm mais de 80% da área plantada. Esses agricultores e suas famílias dedicam grande parte do seu tempo a essa cultura, que, além de geradora de renda, caracteriza-se como importante fonte de emprego no meio rural (CARVALHO, 2005).

A Bahia é historicamente o maior produtor nacional, porém sua produtividade é extremamente baixa, com cerca de 600 kg por hectare (SEAGRI, 2009), evidenciando a importância de que o fomento à ricinocultura deve ser acompanhado de investimentos em pesquisas agrônômicas.

Programas de melhoramento são a base do processo para implantação e desenvolvimento da mamoneira, evitando cultivos realizados com variedades locais, os quais comprometem a produtividade. Tais pesquisas devem ser regionalizadas de modo a permitir maior segurança à atividade agrícola, tendo em vista a existência da interação genótipos x ambientes (CERQUEIRA, 2008).

O conhecimento da natureza e da expressão dos caracteres agrônômicos da mamona é de grande importância para o sucesso do melhoramento da espécie. As informações sobre a amplitude dos coeficientes de variabilidade e de herdabilidade permitem prever o efeito da seleção e planejar os procedimentos que deverão ser seguidos (MOSHKIN, 1986).

Em mamona, alguns trabalhos de estimativa de componentes de variância genética e herdabilidade foram realizados por Moshkin (1986), Lima e Santos (1998), Oliveira e Zanotto (2008) e Passos et al. (2010). Estas estimativas estavam associadas ao delineamento balanceado, utilizando a análise de variância (ANOVA) e em análises de gerações (PASSOS et al., 2010), todavia tal

balanceamento geralmente não ocorre em experimentos de campo, principalmente com grande número de plantas (COELHO, 2010).

Com o surgimento de novas técnicas em genética quantitativa e com o advento da computação, novos procedimentos foram desenvolvidos, permitindo a análise de experimentos desbalanceados. Entre estes, o procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) tem sido mais utilizado, pois permite estimar os componentes de variância em experimentos desbalanceados (MARTINEZ, 2010).

Com a maior precisão das estimativas e disponibilidade do REML, surgiu o procedimento de melhor predição linear não viesada (BLUP), que permite inferir sobre os efeitos genéticos de tratamentos (RESENDE, 2007). Neste caso, um valor genotípico é determinado para cada indivíduo, permitindo uma estimativa mais precisa do valor genético e um ordenamento mais adequado dos indivíduos superiores, conduzindo a uma melhor seleção (MARTINEZ, 2010).

Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP em uma população segregante F_3 , que compõe o programa de melhoramento genético da mamoneira para baixas altitudes no Recôncavo da Bahia, e observar possíveis correlações genéticas entre os caracteres analisados.

MATERIAL E MÉTODOS

A população segregante F_3 foi composta por 265 genótipos descendentes de um dialélico parcial 4x2 com oito cruzamentos sendo eles: BRS 149 Nordestina x EBDA MPA 17; BRS 149 Nordestina x Sipeal 28; BRS 188 Paraguaçu x EBDA MPA 17; BRS 188 Paraguaçu x Mirante 10; BRS 188 Paraguaçu x Sipeal 28; EBDA MPA 17 x Mirante 10; EBDA MPA 17 x Sipeal 28 e Mirante 10 x Sipeal 28.

O experimento foi realizado no campo experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia - NBIO da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB em Cruz das Almas, Bahia, entre abril de 2009 e março de 2010, nas coordenadas geográficas 40°39'S e 39°06'23"W, a 220 m de altitude, em regime de sequeiro. A pluviosidade média anual é de 1.240 mm, com variações entre 900 e 1.300 mm, a temperatura média é de 24,0°C, a umidade

relativa média do ar é de 80% e o solo é classificado como Latossolo Amarelo álico coeso, de textura argilosa e relevo plano (RIBEIRO et al., 1995).

A área foi preparada através de roçagem, subsolagem, aração e gradagem. A partir da análise de solo, realizou-se a adubação adotando como referência o manual de solos do estado da Bahia. Para a correção do solo, foram aplicados 1.000 kg.ha^{-1} de calcário dolomítico, a lanço. As covas com dimensões de 20 cm x 20 cm foram abertas com o auxílio de enxada. Em seguida procedeu-se com 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. O espaçamento utilizado foi de 3 m entre fileiras e 1 m entre plantas, em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições.

Após o surgimento da primeira folha definitiva foi feito o desbaste, deixando-se apenas uma planta por cova. Posteriormente, foi aplicado 40 kg.ha^{-1} de N em sulco fechado. Para o controle das plantas daninhas procedeu-se com capinas braçal e roçagem mecanizada, sendo que os tratos fitossanitários foram feitos de acordo com a necessidade da cultura. Com o estabelecimento da população, iniciou-se a avaliação do material, por meio de 17 variáveis. Os caracteres analisados em campo foram: o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário (FLO), em que foi observado a antese da primeira flor feminina do racemo primário; estatura de planta (cm) (EST) - medido no final do ciclo por meio da distância da base do solo até a inserção do último ramo da planta com o auxílio de régua milimetrada; e número de racemos emitidos por planta (NRE) (avaliado mediante contagens periódicas durante todo o ciclo da cultura).

Para evitar a perda de sementes com a deiscência de alguns genótipos e possibilitar colheitas mais tardias, os racemos foram cobertos utilizando sacos TNT (tecido não tecido). Os cachos foram colhidos quando 90% das bagas apresentavam-se secas. O material coletado foi levado ao laboratório do NBIO e avaliado em relação às seguintes variáveis: comprimento do racemo (cm) (CTR); comprimento do racemo sem enchimento (cm) (CRSE) medida realizada da parte basal do racemo até a primeira inserção da baga; comprimento efetivo do racemo (cm) (CER) medição da parte útil do racemo; esses descritores foram avaliados nos três primeiros racemos de cada planta por meio de régua milimetrada quando

já se encontravam em sua maturação plena. O peso de racemo (g) (PR); peso de frutos por racemo (g) (PFR); peso de fruto por planta (g) (PFP); peso de racemo por planta (g) (PRP); peso de sementes por racemo (PSR); peso de sementes por planta (g) (PSP) foram aferidos em todos os racemos com o auxílio de uma balança digital de precisão. Para estimar o número de frutos por racemo (NFR); número de frutos por planta (NFP); número de sementes por racemo (NSR), número de sementes por planta (NSP) foram efetuadas contagens manuais. A produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) (PRO) foi estimada em função do número de covas da área útil e tamanho da área útil.

A indisponibilidade de sementes em alguns genótipos e perdas de plantas por ataques de pragas e doenças, fez com que os dados ficassem desbalanceados. Por esse motivo, a análise estatística e a estimativa dos parâmetros genéticos foram baseadas em modelos mistos do tipo REML/BLUP individual utilizando o software SELEGEN - REML/BLUP (modelo 21) de acordo com Resende (2006), por meio do seguinte modelo estatístico: $y = Xr + Zg + e$, em que “y” é o vetor de dados, “r” é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, “g” é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes componentes de variância associados aos referidos efeitos V_g : variância genotípica; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; $V_f = V_g + V_e$

A partir dos componentes de variância foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

$$h_{ml}^2 = \frac{r}{r + \frac{1 - h_g^2}{h_g^2}} : \text{herdabilidade média de genótipo}$$

$h_g^2 = \frac{V_g}{V_f} : \text{herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.}$

$$\text{Acurácia} = \sqrt{h_g^2} : \text{acurácia seletiva da seleção de genótipo.}$$

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{V_g}}{m} \cdot 100 : \text{coeficiente de variação genotípico.}$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{V_e}}{m} \cdot 100 : \text{coeficiente de variação ambiental.}$$

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} : \text{coeficiente de variação relativo.}$$

Com base nos parâmetros genéticos foi possível estimar o ganho genético de seleção onde:

$$GS = h_{ml}^2 \cdot ds \text{ em que:}$$

$$ds = M_s - M_o : \text{diferencial de seleção em que:}$$

M_s = média da população selecionada e M_o = média da população original.

$$GS\% = \frac{GS}{M_o} \cdot 100$$

As correlações genéticas foram realizadas por meio do programa estatístico SAS, versão 9.1.3 (2003), aos níveis de significância 5% e 1% de probabilidade, estimadas pelo teste t.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os 17 caracteres avaliados encontram-se na Tabela 1. Os valores do coeficiente de variação genética individual (CVgi-%), que segundo Costa et al. (2000) expressam em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, revelaram valores para PRO, PSP, PFP, PRP, PFR e NSR de 21,05%, 21,05%, 20,18%, 18,59%, 16,85% e 15,55%, respectivamente. Para Rodríguez et al. (1998), esses valores são considerados elevados (CVgi%) e permitem inferir que a população avaliada apresenta alta variabilidade genética em relação a esses caracteres. Dessa forma, pode-se deduzir que há possibilidade de se obter ganhos expressivos por seleção. Os demais caracteres apresentaram valores de baixa magnitude. Abreu et al. (2009) e Juhász et al. (2010), avaliando progênies de pinhão-manso, encontraram valores similares.

Tabela 1. Estimativa dos parâmetros genéticos obtidos via máxima verossimilhança restrita e melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) em uma população segregante F₃ de mamoneira. (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

Parâmetros Genéticos													
Variáveis	Mín.	Máx.	Vg	Ve	Vf	h ² g	h ² ml	Acurácia	CVgi (%)	CVe (%)	CVr	GS	GS%
FLO*	90.82	111.16	53,63	108,74	162,37	0,66	0,33	0,81	8,00	11,40	0,70	-7,33	-8,02
EST	179.16	251.38	235,86	1502,59	1738,46	0,39	0,14	0,62	10,21	25,77	0,40	-5,93	-3,94
NRE	7.15	13.55	0,45	13,09	13,55	0,12	0,03	0,35	11,46	61,56	0,19	0,06	0,99
CTR	18.77	37.54	3,50	40,35	43,84	0,28	0,08	0,51	8,47	28,78	0,29	0,50	2,26
CRSE	8.85	23.75	1,15	15,21	16,36	0,23	0,07	0,48	10,04	36,46	0,28	0,25	2,32
CER	9.90	32.87	1,39	34,65	36,04	0,14	0,04	0,37	10,2	50,97	0,20	0,14	1,21
PR	85.49	225.11	184,79	2446,31	2631,1	0,23	0,07	0,48	14,42	52,46	0,27	3,20	3,45
NFR	24.45	52.50	7,09	188,37	195,46	0,13	0,04	0,36	8,94	46,08	0,19	0,25	0,86
NSR	73.34	157.01	182,38	1867,65	2050,04	0,28	0,09	0,53	15,55	49,77	0,31	4,06	4,59
PSR	48.92	117.60	63,67	1693,34	1757,01	0,13	0,04	0,36	8,93	46,04	0,19	0,76	0,88
PFR	77.51	174.75	86,31	748,62	834,93	0,32	0,10	0,56	16,85	49,61	0,34	3,44	6,32
PRP	346.75	831.53	4262,4	59829,3	64091,7	0,22	0,07	0,47	18,59	69,64	0,27	13,88	4,02
NFP	97.88	242.50	255,99	4694,77	4950,76	0,18	0,05	0,42	14,78	63,29	0,23	2,45	2,30
PFP	292.98	727.50	4281,2	50077,4	54358,6	0,16	0,08	0,50	20,18	69,01	0,29	17,19	5,40
NSP	204.32	497.46	1997,7	42435,8	44433,5	0,13	0,04	0,40	13,84	63,8	0,22	5,70	1,79
PSP	681.06	1658.21	1844,6	19708	21552,6	0,27	0,09	0,52	21,05	68,82	0,31	12,75	6,35
PRO	317.70	786.67	20496	218978	239474	0,27	0,09	0,52	21,05	68,82	0,31	42,51	6,35

*FLO – número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário, EST - estatura, NRE – número de racemos emitidos, CTR comprimento total do racemo, CRSE – comprimento do racemo sem enchimento, CER – comprimento efetivo, PR – peso de racemo, NFR – número de frutos por racemo, NSR – número de sementes por racemo, PSR – peso de semente por racemo, PFR – peso de fruto por racemo, PRP – peso de racemo por planta, NFP – número de frutos por planta, PFP – peso de fruto por planta, NSP – número de sementes por planta, PSP – peso de semente por planta, PRO – produtividade. (Mín.) = mínimo; (Máx.) = máximo; variância genotípica (Vg), variância residual (Ve), variância fenotípica (Vf), herdabilidade no sentido amplo (h²g) herdabilidade média do genótipo (h²ml), coeficiente de variação genética individual (CVgi), coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação relativo (CVr), ganho de seleção (GS) e ganho de seleção em percentagem (GS%).

Os coeficientes de variação relativos resultaram em valores moderados na maioria dos caracteres (Tabela 1). No entanto, o valor de 0,70 para FLO, indica situação propícia para a seleção, pois apesar de um $CV_{gi}(\%)$ de baixa magnitude, o baixo valor de $CV_e(\%)$ propiciou alto CVr. Segundo Vencovsky (1987), quanto mais próximos de 1 forem as relações $CV_{gi}(\%)/CV_e(\%)$ melhores as chances de ganhos com a aplicação de seleção em progênie, sugerindo que o caráter pode ser trabalhado facilmente no melhoramento.

O coeficiente de herdabilidade expressa a quantidade de variação genética em relação à variação fenotípica total (FALCONER, 1987; VENCOVSKY, 1987). Em relação à herdabilidade no sentido amplo (Tabela 1), as variáveis apresentaram amplitude no valor de 0,54, sendo que a variável NRE obteve apenas 0,12, enquanto o caráter FLO alcançou 0,66, valor mais elevado. Passos et al. (2010), avaliando os cruzamentos que deram origem a população segregante F_3 de mamoneira em estudo, obtiveram para o caráter FLO valores de 0,64 no cruzamento 'BRS 149 Nordestina' x 'EBDA', 0,38 ('BRS 149 Nordestina' x 'Sipeal 28'), 0,86 ('BRS 149 Nordestina' x 'Mirante 10') e 0,65 ('BRS 188 Paraguaçu' x 'EBDA MPA 17'). Esse valor de FLO deve ser explorado, pois pode tornar-se um mecanismo favorável de fuga contra as doenças que atacam a cultura da mamoneira, às quais reduz drasticamente a produtividade, principalmente no período juvenil e de formação dos racemos no Recôncavo Baiano.

Por meio da herdabilidade média do genótipo (Tabela 1), observa-se que os resultados variaram de 0,03 a 0,33. Para a produtividade, uma das variáveis mais importantes na cultura da mamoneira, o valor foi de 0,09. Esse descritor é de herança quantitativa, daí resultados de baixa magnitude são esperados. Cecon et al. (1993), Mauro et al. (1995), Moraes et al. (1997), Petek et al. (2008) e Passos et al. (2010), também encontraram valores que corroboram com os apresentados para o caráter PRO. Os valores de h^2_{ml} indicam que o caráter FLO se sobressaiu entre os demais, demonstrando possibilidade de ganho genético com a seleção.

A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (COSTA et al., 2005). Os resultados de acurácia seletiva (Tabela 1) mostram que nove das 17 variáveis apresentaram acuidade baixa, sete tiveram valores de magnitude moderada e apenas a variável FLO

obteve valor considerado alto (0,81). Esta estatística varia de 0 a 1 e, conforme Resende e Duarte (2007), pode ser classificada como muito alta ($\check{r}_{gg} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq \check{r}_{gg} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq \check{r}_{gg} < 0,70$) e baixa ($\check{r}_{gg} < 0,50$).

Valores de acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênies. Por ser uma medida associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético que pode ser alterado pelo homem, visando maximizar o ganho genético (RESENDE, 2002). De acordo com Resende e Duarte (2007), para se obter experimentos com acuidade acima de 0,90, requer a implantação de no mínimo sete repetições. Como o experimento avaliado teve quatro repetições, pressupõe-se que o número de repetições possa ter colaborado para a baixa proporção de acurácia seletiva ideal na maioria dos caracteres. Dessa forma, ressalta-se a necessidade de se avaliar técnicas experimentais até então não utilizadas para a mamoneira, no sentido de melhorar a eficiência dos ensaios.

As estimativas dos ganhos genéticos para os caracteres variaram de 0,86% a -8,02% (Tabela 1). Com a seleção dos melhores 50 indivíduos (índice de seleção de 20%) obteve-se os maiores valores para o caráter FLO. Os descritores que mais se destacaram foram FLO, PRO e PSP com -8,02%, 6,35% e 6,35%, respectivamente. A EST, que é um caráter desejável no melhoramento da mamoneira, alcançou 3,94%. Oliveira e Zanotto (2008), estudando a variável EST em mamoneira, encontraram valores similares.

Os valores de correlação genética entre as 17 variáveis analisadas encontram-se na Tabela 2. Verifica-se que a maioria dos caracteres apresentou significância de ($P < 0,01$) por meio do teste t. A variável FLO apresentou correlações negativas com a maioria dos caracteres, e positiva apenas com a EST e CER, porém de baixa proporção. Lima e Santos (1998) encontraram para FLO valores negativos e altamente correlacionados com o tamanho de racemos e peso de cem sementes. Segundo Cruz e Carneiro (2003), quando um descritor correlaciona-se positivamente com alguns e negativamente com outros, é preciso que se tenha um cuidado adicional, pois a seleção de um determinado caráter pode provocar mudanças indesejáveis em outros. Por outro lado, a correlação genotípica negativa entre FLO e PRO indica a possibilidade de obtenção de genótipos produtivos e mais precoces na seleção, haja vista que a redução do período da antese possibilita incremento na produtividade.

Tabela 2. Correlações genéticas entre 17 variáveis avaliadas em uma população segregante F₃ de mamoneira no Recôncavo da Bahia. (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

	EST	NRE	CTR	CRSE	CER	PR	NFR	NSR	PSR	PFR	PRP	NFP	PFP	NSP	PSP	PRO
FLO	0.16	-0,29**	-0.003	-0.03	0.01	-0.06*	-0.14**	-0.09*	-0.13*	-0.11**	-0.14**	-0.18**	-0.16**	-0.16**	-0.18**	-0.18**
EST		0.33**	0.24**	0.24**	0.10**	0.18**	0.17**	0.19**	0.17**	0.15**	0.36**	0.39**	0.35**	0.38**	0.31**	0.31**
NRE			-0.01**	0.07*	-0.06**	0.23**	0.38**	0.25**	0.38**	0.25**	0.44**	0.56**	0.44**	0.55**	0.44**	0.45**
CTR				0.51**	0.81**	0.43**	0.50**	0.45**	0.50**	0.44**	0.27**	0.29**	0.28**	0.28**	0.25**	0.25**
CRSE					-0.05**	0.32**	0.38**	0.33**	0.38**	0.33**	0.22**	0.22**	0.21**	0.21**	0.20**	0.20**
CER						0.28**	0.34**	0.31**	0.34**	0.30**	0.18**	0.20**	0.19**	0.19**	0.17**	0.17**
PR							0.78**	0.94**	0.78**	0.91**	0.80**	0.63**	0.74**	0.63**	0.74**	0.74**
NFR								0.82**	0.99**	0.81**	0.62**	0.73**	0.63**	0.71**	0.62**	0.62**
NSR									0.82**	0.96**	0.78**	0.68**	0.80**	0.67**	0.79**	0.79**
PSR										0.81**	0.62**	0.73**	0.63**	0.71**	0.62**	0.62**
PFR											0.75**	0.65**	0.77**	0.64**	0.80**	0.80**
PRP												0.89**	0.97**	0.89**	0.96**	0.96**
NFP													0.90**	0.99**	0.89**	0.89**
PFP														0.90**	0.97**	0.97**
NSP															0.89**	0.89**
PSP																0.99**

* significativo a 5% e a ** 1% de probabilidade pelo teste t. FLO – número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário, EST - estatura, NRE – número de racemos emitidos, CTR – comprimento total do racemo, CRSE – comprimento do racemo sem enchimento, CER – comprimento efetivo, PR – peso de racemo, NFR – número de frutos por racemo, NSR – número de sementes por racemo, PSR – peso de semente por racemo, PFR – peso de fruto por racemo, PRP – peso de racemo por planta, NFP – número de frutos por planta, PFP – peso de fruto por planta, NSP – número de sementes por planta, PSP – peso de semente por planta e PRO – produtividade.

A EST correlacionou-se geneticamente e foi positiva com a maioria das variáveis, à exceção do FLO, porém os valores não foram de grande proporção, embora as estimativas obtidas tenham sido significativamente diferentes de zero a 1% de probabilidade (Tabela 2). Esses valores diferem dos resultados encontrados por Lima e Santos (1998) que encontraram coeficientes superiores a $r = 0,7$ entre EST x CTR ($r = 0,73$); EST x NRE ($r = 0,98$) e EST x NFP ($r = 0,89$). Esta correlação revela a dificuldade de redução da estatura sem comprometer os componentes de produtividade.

O NRE apresentou moderada correlação genotípica e positiva com o NFP ($r = 0,56$), porém o NFP foi positivo e altamente correlacionado PFP, NSP, PSP e PRO. Pode-se inferir então, que o NRE pode apresentar indiretamente correlação positiva com o PFP, NSP, PSP e PRO como mostra a Tabela 2. Esses mesmos resultados foram observados por Hooks et al. (1971), Cruz et al. (1985) e Moshkin, (1986) citado por Azevedo e Beltrão (2007). A PRO mostrou-se positiva e altamente correlacionada com o PR, NSR, PFR, PRP, NFP, PFP, NSP e PSP (Tabela 2). A seleção indireta dessas variáveis poderá proporcionar ganhos em produção para a cultura. Em adição cumpre salientar que as informações obtidas através da correlação dos dados podem servir como critérios de seleção para priorizar quais descritores devem ser empregados em programas de melhoramento da mamoneira.

CONCLUSÕES

1 – A estimativa dos parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP permitiu identificar variabilidade genética na população F_3 de mamoneira para os caracteres avaliados.

2 – O caráter número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário apresenta-se como o mais apropriado para aplicação de seleção, devido à maior herdabilidade, acurácia seletiva e melhores chances de ganhos genéticos.

3 - A análise de correlação genética possibilita visualizar que existe correlação genética negativa entre o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário x produtividade, sendo que as variáveis peso de

racemo por planta, peso de fruto por planta e peso de semente por planta podem ser utilizadas na obtenção de genótipos de mamoneira altamente produtivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B.; RESENDE, M. D. V.; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-manso na fase juvenil. **Magistra**, Cruz das Almas, v.21, p.36-40, 2009.

FREIRE, E. C.; LIMA, E. F.; ANDRADE, F. P.; MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. M. Melhoramento genético. In:____. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2 ed., 2007. Cap. 8, p. 169-194.

CARVALHO, B. C. L. **Manual do cultivo da mamona**. Salvador: EBDA, 2005. 65 p.

CECON, P. R.; DE MORAIS, A. R.; SEDYIAMA, C. S. Obtenção da herdabilidade e das correlações genóticas, fenotípicas e de ambiente nas gerações F₂ e F₃ de cruzamentos fatoriais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.12, p. 1399-1406, 1993.

CERQUEIRA, L. S. **Variabilidade genética e teor de óleo em mamoneira visando ao melhoramento para região de baixa altitude**. 2008. 57f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

COELHO, A. M. **Comparação de métodos de estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos considerando o Delineamento III aplicado a caracteres quantitativos em milho**. 2010. 101p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica). Escola superior de agricultura “Luiz de Queiróz”. São Paulo.

COSTA, R. B.; GONÇALVES, P. S.; OLIVEIRA, L. C. S.; ARRUDA, E. J.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Variabilidade genética e estimativas de herdabilidade para

o caráter germinação em matrizes de *Hevea brasiliensis*. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v.12, n.1, p.74-75, 2005.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BOTOLETTTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.2, p. 381-388, 2000.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

CRUZ, P. J.; SANTIAGO, A. N.; MELO, G. C. **Comportamento de cultivares de mamona de porte alto na microrregião Piemonte de Diamantina, Estado da Bahia**. Salvador: EPABA, 1985. 9p. (EPABA. Pesquisa em andamento, 22).

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

HOOKS, J. A.; WILLIAMS, J. H.; GARDNER, C. O. Estimates of heterosis from a diallel cross of inbred lines of castors, *Ricinus communis* L. **Crop Science**, Madison, v.11, p. 651-654, 1971.

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H. O.; RESENDE, M. D. V. Parâmetros genéticos e ganho de seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v.30, p.25-35, 2010.

LIMA, E. F. & SANTOS, J. W. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais entre características agrônômicas da mamoneira (*Ricinus communis* L.). **Revista Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v.2, n.2, p. 147-150, 1998.

MARTINEZ, D. T. **Avaliação genética sob heterogeneidade de variância residual dentro de tratamentos**. 2010. 73p. Tese (Doutorado em Engenharia

Florestal)- Centro de Ciências Florestais e da Madeira. Universidade Federal do Paraná. Curitiba.

MAURO, O. A.; SEDYAMA, T.; CARLOS, S. S. Estimativa de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p. 667-672, 1995.

MORAIS, O. P.; SILVA, J. C.; CRUZ, C. D.; REGAZZI A. J.; NEVES, P. C. F. Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3¹. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n.4, p. 1-13, 1997.

MOSHKIN, V. A. **Castor**. New Delhi: Oxonian Press, 1986. 315p.

OLIVEIRA, I. J. & ZANOTTO, M. D. Eficiência da seleção recorrente para redução da estatura de plantas em mamoneira (*Ricinus communis* L.). **Ciência Agrotecnológica**, Lavras, v. 32, n. 4, p. 1107-1112, 2008.

PASSOS, A. R., SILVA, S. A.; SOUZA, C. S.; SOUZA, C. M. M.; FERNANDES, L. S. Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.7, p.709-714, 2010.

PETEK, M. R.; SERA, T.; FONSECA, I. C. B. Predição de valores genéticos aditivos na seleção visando obter cultivares de café mais resistentes à ferrugem. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.1, p.133-140, 2008.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**, Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-REML/BLUP**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2006. 305p.

RIBEIRO, L. P.; SANTOS, D. M. B.; LIMA NETO, I. A.; SOUZA NETO, L. R.; BARBOSA, M. F.; CUNHA, T. J. F. Levantamento detalhado dos solos, capacidade de uso e classificação de terras para irrigação da Estação de plasticultura da Universidade Federal da Bahia/Politeno em Cruz das Almas (BA). **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v.19, p.105-113, 1995.

RODRÍGUEZ, R. E. S.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. Estimativas de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1¹. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.5, p.1-7, 1998.

SAS INSTITUTE (2003). SAS language and procedures: Usage. **Version SAS 9.1.3** SAS Institute, CD-ROM, Cary, North Carolina.

SEAGRI. **Estimativa da Safra 2008/2009 por cultura**. Salvador, BA, 2009. Disponível em: <http://www.seagri.ba.gov.br/estimativa_safra_cultura.pdf>. Acesso em 18 out. 2010.

VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In:_____. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 2 ed., 1987. p.137-214.

CAPÍTULO 2

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MAMONEIRA UTILIZANDO A ESTRATÉGIA WARD-MLM¹

¹ Artigo a ser submetido ao comitê editorial do periódico científico PAB - Pesquisa Agropecuária brasileira

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MAMONEIRA UTILIZANDO A ESTRATÉGIA WARD-MLM

Autor: Ronaldo Simão de Oliveira

Orientador(a): Simone Alves Silva

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética em uma população segregante F_3 pertencente ao programa de melhoramento da mamoneira para o Recôncavo Baiano utilizando a técnica multivariada Ward – MLM. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, entre abril de 2009 e março de 2010. Foram utilizados 259 genótipos descendentes de cruzamentos entre as variedades BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu, EBDA MPA-17, Sipeal 28 e Mirante 10. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições num espaçamento de 3x1 m. Avaliou-se o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário, estatura de planta, número de racemos emitidos, comprimento do racemo, peso de racemo, peso de fruto por planta, número de sementes por racemo, número de sementes por planta, peso de sementes por racemo, produtividade e teor de óleo na semente. Ocorreu a formação de quatro grupos, sendo o grupo I composto por 84 genótipos, o II por 142 genótipos, o III por 15 genótipos e o IV por 18. A estratégia Ward-MLM possibilitou um adequado agrupamento entre os genótipos, sendo que as variáveis que mais contribuíram para a divergência baseada na primeira variável canônica foi o peso de fruto por planta, peso de semente por racemo, produtividade e peso de racemo.

Palavras chave: *Ricinus communis* L., população segregante, modelo de locação modificado e melhoramento genético.

GENETIC DIVERGENCE IN CASTORBEAN USING THE WARD-MLM STRATEGY

Author: Ronaldo Simão de Oliveira

Adivisor: Simone Alves Silva

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate genetic diversity in a F_3 segregating population belonging to the castorbean breeding program for Bahia Recôncavo technique using multivariate Ward – MLM technique. The experiment was conducted at the Bahia Recôncavo Federal University between April 2009 and March 2010. It were used 259 genotypes offspring of crosses between varieties BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu EBDA MPA-17, Mirante 10 and Sipeal 28. The design was in randomized blocks with four replications in spacing of 3x1 m. The number of days to appearance of first female flower of primary raceme, plant height, number of racemes issued, raceme length, weight of raceme, fruit weight per plant, number of seeds per raceme, number of seeds per plant, seed weight per raceme, productivity and oil content in seed were evaluated. There was the formation of four groups, with group I comprising 84 genotypes, II for 142 genotypes, III by 15 genotypes and IV by 18. The Ward-MLM strategy allowed an appropriate grouping of the genotypes, and the variables that contributed most to the divergence based on the first canonical variable was the fruit weight per plant, seed weight per raceme, productivity and weight raceme.

Key words: *Ricinus communis* L., segregating population, Modified Location Model and breeding

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) também conhecida como carrapateira ou rícino é uma espécie bastante cultivada no Nordeste brasileiro. No entanto, o plantio da região tem sido feito com variedades locais, pouco produtivas e desuniformes (MILANI et al., 2006).

A identificação da variabilidade e o conhecimento das diferentes constituições genéticas existente nas populações segregantes, obtidas a partir de hibridizações controladas, é de fundamental importância para a identificação de genótipos superiores e o estabelecimento de estratégias apropriadas para a condução da população no melhoramento da mamoneira.

Estudos a respeito de diversidade genética fornecem parâmetros capazes de identificar esses genitores favoráveis à obtenção dessas gerações segregantes e, como consequência, a obtenção de indivíduos geneticamente melhorados (COSTA et al., 2006).

Neste sentido, os métodos multivariados, em que diversos caracteres podem ser dimensionados simultaneamente, têm oferecido contribuições efetivas na identificação de genótipos para serem utilizados em programas de melhoramento genético de várias culturas (Santos et al., 2000), inclusive com indicação de caracteres mais representativos para a obtenção de populações geneticamente diferentes (BENIN et al., 2003).

Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma com que os dados são obtidos. O processo mais utilizado é o de agrupamento que envolve basicamente duas etapas. A primeira relaciona-se com a estimativa de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os genitores e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação de grupos (CRUZ et al., 1997).

Em mamoneira, poucos estudos de divergência genética têm sido feitos, e nos trabalhos existentes os métodos para agrupamento de dados mais utilizados foram o de “Tocher” usado por Costa et al. (2006) e Cavalcante et al. (2008) e o de componentes principais como é relatado por Bahia et al. (2008) e Milani et al. (2009).

O método de Ward (1963), também conhecido como método da “Mínima Variância” (MINGOTI, 2005), realiza a formação dos grupos pela maximização da homogeneidade dentro dos grupos. A idéia do método de Ward é aglomerar os grupos R e S que minimizam a soma de quadrados dentro dos grupos, ou seja, a soma de quadrado dos erros (FERREIRA, 2008).

O procedimento *Modified Location Model* (MLM) foi proposto por Franco et al. (1998) como substituição ao procedimento *Location Model* proposto por Lawrence e Krzanowski (1996). O procedimento, designado MLM, classifica n indivíduos quando p variáveis quantitativas e q variáveis qualitativas são obtidas em um ambiente, assumindo que m níveis da variável W e variáveis p -multinormais para cada subpopulação são independentes.

Dessa forma, a estratégia Ward-MLM inclui duas etapas; na primeira, os grupos são definidos usando o método de agrupamento da mínima variância entre grupos proposto por Ward (1963), a partir da matriz de distância de Gower (GOWER, 1971). Na segunda etapa, aplica-se o procedimento MLM, que estima a média do vetor das variáveis quantitativas para cada subpopulação, independente dos valores W (FRANCO & CROSSA, 2002). Portanto, essa estratégia permite a definição do número ótimo de grupos e o cálculo de uma média dos grupos com alta precisão, fazendo uso de toda a informação disponível sobre os genótipos, sejam elas variáveis quantitativas ou qualitativas (CROSSA & FRANCO, 2004).

Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi estimar a divergência genética em uma população segregante (F_3) por meio da estratégia Ward-MLM, com o intuito de subsidiar o programa de melhoramento genético da mamoneira para o Recôncavo Baiano.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 259 genótipos pertencentes a uma população segregante (F_3) oriunda de um dialélico parcial com oito cruzamentos (4×2) sendo eles: “BRS 149 Nordestina x EBDA MPA 17”; “BRS 149 Nordestina x Sipeal 28”; “BRS 188

Paraguaçu x EBDA MPA 17”; “BRS 188 Paraguaçu x Mirante 10”; “BRS 188 Paraguaçu x Sipeal 28”; “EBDA MPA 17 x Mirante 10”; “EBDA MPA 17 x Sipeal 28” e “Mirante 10 x Sipeal 28”. O trabalho foi realizado no campo experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia - NBIO, na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, em Cruz das Almas – BA, a uma latitude de 40°39'S e longitude de 39°06'23"W, e 220 m de altitude. De acordo com a classificação de Köppen, o clima da região é caracterizado por uma zona de transição entre as zonas Am (clima quente e úmido com pequena estação seca) e Aw (clima quente e úmido com chuvas de verão) e solo do tipo Latossolo Amarelo álico coeso, de textura argilosa e relevo plano. A precipitação pluviométrica média anual é de 1.240 mm, temperatura média anual de 24°C e umidade relativa do ar de 80% (EMBRAPA, 2010).

O experimento foi instalado em blocos casualizados com quatro repetições, num espaçamento de 3 m entre fileiras e 1 m entre plantas. A área foi preparada por meio de roçagem, subsolagem, aração e gradagem. Para a correção do solo, foram aplicados 1.000 kg.ha⁻¹ de calcário dolomítico a lanço. As covas possuíam dimensões de 20 cm x 20 cm e foram abertas com o auxílio de enxada. Foi realizada uma 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 realizado o desbaste (deixando apenas uma planta por cova) e uma adubação de cobertura com 40 kg.ha⁻¹ de N em sulco fechado. Foram realizadas capinas e roçagens mecanizadas para eliminar as plantas daninhas. Os tratos fitossanitários foram feitos de acordo com a necessidade da cultura.

Avaliou-se o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário (FLO), estatura de planta (cm) (EST) medida da base da planta até o último ramo, número de racemos emitidos por planta (NRE) (contagens periódicas foram realizadas durante o ciclo da cultura), comprimento total do racemo (cm) (CTR); medido nos três primeiros racemos de cada planta com auxílio de régua milimetrada quando o mesmo encontrava-se com sua maturação plena, peso de racemo (g) (PR) medido nos três primeiros racemos de cada planta, peso de fruto por planta (g) (PFP), número de sementes por racemo (NSR), número de sementes por planta (NSP), peso de sementes por racemo (g)

(PSR), produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) (PRO) estimada em função do número de covas da área útil e tamanho da área útil. Os caracteres de peso foram avaliados com o auxílio de balança semi-analítica.

O caráter teor de óleo na semente (%) (TOS) foi analisado no Laboratório Avançado de Tecnologia Química da Embrapa Algodão, em Campina Grande - PB. A técnica da estimativa de TOS foi feita por meio de Ressonância Magnética Nuclear – RMN que é um método não destrutivo em instrumento MQA Oxford 7005 com um eletroímã de 0,47 T. Inicialmente as amostras permaneceram por uma hora em um ambiente controlado com temperatura a 20°C e umidade de 60%. A aquisição dos espectros foi feita através de uma sonda com um tubo de acrílico em formato cilíndrico, onde as sementes eram alocadas e ao mesmo tempo os resultados eram lidos no computador acoplado ao aparelho.

As médias foram estimadas a partir da metodologia dos modelos mistos REML/BLUP utilizando o software (SELEGEN - REML/BLUP), de acordo com Resende (2006). A partir das médias foi realizada a análise de agrupamento dos genótipos pelo método Ward-MLM utilizando o software SAS versão 9.1.3 (SAS, 2003).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número ótimo de grupos foi determinado como sendo igual a quatro, segundo as estatísticas pseudo- t^2 , pseudo-F e da função logarítmica de verossimilhança, obtida pela estratégia Ward-MLM (Figura 1). O perfil de risco, associado ao teste da razão de probabilidade, mostrou que o maior aumento da função de verossimilhança ocorreu ao nível do grupo quatro, sendo observado um incremento de 26,94.

Everitt (1981), citado por McLachlan e Basford (1988), sugere que esse teste pode ser utilizado se a relação n / p (número de observações ao número de variáveis) for superior a 5 e $n > 50$. Em qualquer caso, a probabilidade da razão ou o crescimento do risco é um guia útil para definição do número de grupos. O método pode, portanto, definir critérios mais precisos de formação do grupo, resultando em grupos de adesões menos subjetivos. O gráfico do perfil de risco tem sido usado para diferentes valores de g e observado o ponto de máximo crescimento como critério para definição do número de grupos (GONÇALVES et al., 2009).

Padilha et al. (2005), ao estudar 120 populações de *Brassica rapa* subsp. *rapa* L., descobriram que o aumento da função de verossimilhança foi máxima quando foram considerados cinco grupos. No entanto, Ortiz et al. (2008), avaliaram raças de milho de grandes altitudes no Peru e observaram maiores aumentos na função de probabilidade a um nível de quatro e oito grupos (aumento de 56,22 e 50,60, respectivamente). De acordo com Gonçalves et al. (2009), o número de grupos pode variar a depender da espécie, do número de adesões, bem como do número e tipo de descritores.

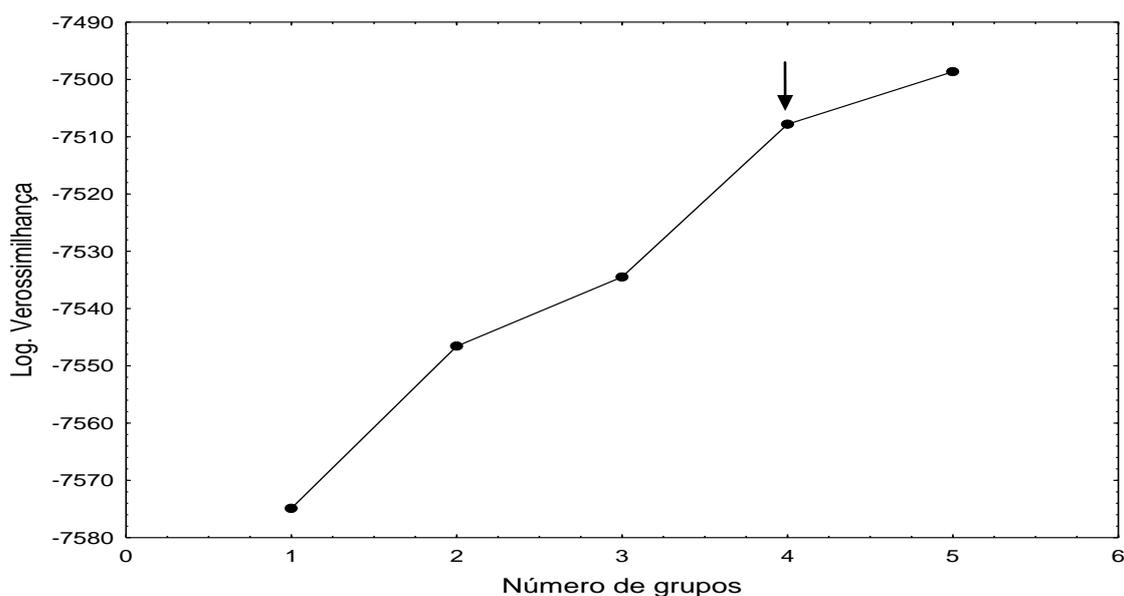


Figura1 - Gráfico da função logarítmica de probabilidade (Log-verossimilhança) mostrando o número ideal de grupos (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

Para a maioria dos caracteres, o grupo I se mostrou superior aos grupos II e III e inferior ao IV (Tabela 1). Esse grupo foi formado por 84 genótipos, sendo que 50 % deles foram oriundos de cruzamentos entre a cultivar BRS 149 Nordestina com as outras quatro cultivares. A média de produtividade foi de 721,84 kg.ha⁻¹ e o teor de óleo na semente foi de 49,96 %. Cruzamentos entre os melhores genótipos do grupo I e os do IV podem ser convenientes, possibilitando alta heterose para o caráter produtividade e consequentemente ganho na seleção.

O grupo II foi formado pelo maior número de genótipos (142) (Tabela 1). Neste grupo, 42 genótipos foram oriundos do cruzamento “BRS 149 Nordestina x EBDA MPA 17”, nove do cruzamento “BRS 149 Nordestina x Sipeal 28”, 38 do

cruzamento “BRS 188 Paraguaçu x EBDA MPA 17”, e 54 do cruzamento “Sipeal 28 X BRS 188 Paraguaçu”. Observa-se que aproximadamente 65 % dos genótipos são descendentes de cruzamentos utilizando a cultivar BRS 188 Paraguaçu e os 35 % restantes reuniu os genótipos oriundos de cruzamento entre a cultivar BRS 149 Nordestina com a MPA 17 e a Sipeal 28. Esse grupo reuniu os genótipos com maior média para o teor de óleo. Cerqueira (2008), ao avaliar o comportamento dessas cultivares no Recôncavo Baiano para o caráter TOS, observou que as cultivares BRS 149 Nordestina e a BRS 188 Paraguaçu foram as de maior média, com 53 % e 48 %, respectivamente.

Por outro lado, este grupo (II) foi o que apresentou os indivíduos de ciclo mais prolongado, que não são interessantes na região em estudo, pois a maior permanência dessas plantas em campo pode favorecer o aumento do ataque de pragas e doenças, principalmente do mofo cinzento *Amphobotrys ricini*, que reduz drasticamente o rendimento da cultura no Recôncavo Baiano.

Tabela 1 - Média das 11 variáveis em cada grupo e contribuição dos caracteres para as variáveis canônicas (CAN1) e (CAN2) estudadas em uma população segregante F₃ de mamoneira. (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

Caracteres	I	II	III	IV	CAN1	CAN2
FLO	91,41	92,17	89,25	88,06	-0,15	-0,01
EST	153,93	148,59	143,94	155,22	0,35	-0,07
NRE	5,98	5,78	6,05	6,09	0,48	0,48
CTR	22,52	21,70	22,66	22,47	0,36	0,48
PR	97,77	91,70	88,07	104,41	0,74	-0,10
NSR	90,82	88,11	89,72	92,61	0,59	0,29
PRP	368,75	337,97	314,96	410,00	0,87	-0,18
PFP	344,68	308,76	286,45	389,44	0,91	-0,14
NSP	333,69	314,96	312,57	346,40	0,71	0,08
PRO	721,84	647,69	596,81	823,26	0,86	-0,16
TOS	49,96	50,30	47,58	49,89	-0,004	-0,36
N	84	142	15	18	-	-

FLO = número de dias para a floração; EST = estatura de planta; NRE = número de racemos emitidos; CTR = comprimento total do racemo; PR = peso de racemo; NSR = número de sementes por racemo; PRP = Peso de racemo por planta; PFP = peso de fruto por planta; NSP = Número de sementes por planta; PRO = produtividade; TOS = teor de óleo na semente; N = número de genótipos por grupo.

O grupo III foi o que apresentou a menor média de produtividade, com 596,81 kg.ha⁻¹, como também os menores valores de peso de racemo (88,07 g), peso de racemo por planta (314,96 g), peso de fruto por planta (286,45 g), número de sementes por planta (312,57) e teor de óleo nas sementes (47,58 %) (Tabela 1). Esse grupo foi composto por 15 genótipos, sendo 14 destes provenientes de cruzamentos utilizando a cultivar EBDA MPA 17. Pode-se inferir que essa baixa produtividade está relacionada com o alto grau de deiscência dos frutos dessa cultivar. Sampaio Filho (2009), avaliando as cinco cultivares utilizadas no dialélico parcial que deu origem a essa população segregante F₃, observou que a cultivar EBDA MPA 17 foi a de menor produtividade, atingindo apenas 282,83 kg.ha⁻¹.

Entretanto, o grupo III abrangeu os genótipos de menor estatura, com média de 143,94 cm (Tabela 1). Apesar destes genótipos apresentarem as piores médias para a maioria dos caracteres, eles são importantes para o programa, pois o caráter baixa estatura é desejável, já que variedades de porte reduzido são almejadas no cultivo de mamoneira. De acordo com Amaral (2003), para garantir retornos econômicos competitivos em relação a outras culturas, torna-se necessário o uso de tecnologias e o desenvolvimento de cultivares com características como baixa estatura de planta para facilitar a colheita.

Dos quatro grupos formados pela estratégia Ward-MLM, o IV foi o que apresentou os indivíduos mais promissores. Esse grupo foi formado por 18 genótipos, sendo que 13 deles foram originados de cruzamentos utilizando a cultivar Sipeal 28.

A produtividade média observada no grupo IV foi de 823,26 kg.ha⁻¹, sendo a maior em relação aos demais grupos. Bahia et al. (2008), avaliando os genitores que deram origem a essa população (F₃), obtiveram valores de produtividade elevados para a cultivar Sipeal 28, com média de 1347 kg.ha⁻¹. Este grupo também reuniu os genótipos com as maiores médias para o número de racemos emitidos por planta (6,09), peso de racemo (104,41 g), número de sementes por racemo (92,61), peso de racemo por planta (410 g), peso de fruto por planta (389,44), número de sementes por planta (346,40) e teor de óleo na semente praticamente igual aos dos demais grupos (Tabela 1). Além disso, apresentou a menor média para o florescimento (88,06 dias). Dessa forma, pode-se inferir que esse grupo possui os genótipos mais propícios para originar futuras linhagens com alta produtividade e mais precoces.

Dos caracteres avaliados, os que mais contribuíram para a divergência genética baseado na primeira variável canônica foram o PFP, PRP, PRO e NSP, com coeficientes de ponderação de 91,0, 87,0, 86,0, 74,0 e 71,0, respectivamente. Resultados distintos foram encontrados por Costa et al. (2006) que ao estudar cultivares e acessos de mamona perceberam que o início do florescimento, altura da planta, teor de óleo das sementes e comprimento efetivo do racemo primário foram os caracteres de maior contribuição para a divergência, enquanto que o potencial produtivo foi a variável que menos contribuiu.

A dissimilaridade dos grupos baseada na distância de Mahalanobis pela estratégia Ward-MLM, demonstrou uma amplitude de variação no valor de 48,16, sendo que os grupos II e III foram os mais próximos (17,03), enquanto os grupos II e IV apresentaram o valor máximo de 65,19 (Tabela 2). Os cruzamentos entre os grupos II e IV podem ser realizados com o intuito de explorar a heterose na obtenção de indivíduos transgressivos para os caracteres de produção.

Tabela 2 - Separação dos grupos pela estratégia Ward-MLM, baseado na distância de Mahalanobis (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

Grupos	I	II	III	IV
I	-	44,53	23,59	24,26
II	44,53	-	17,03	65,19
III	23,59	17,03	-	48,86
IV	24,26	65,19	48,86	-

As duas primeiras variáveis canônicas obtidas por meio da metodologia Ward-MLM explicaram 95% da variação total (Figura 2), possibilitando visualizar a variabilidade genética existente na população segregante por meio da dispersão gráfica. Barbé (2009), ao utilizar o mesmo procedimento em feijão-vagem obteve 96,0 % da variação total em linhagens e afirmou que esse valor alto indica que a representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas é adequada para verificar a relação entre grupos e indivíduos dentro de um grupo. Costa et al. (2006), obtiveram resultados semelhantes para a mamoneira.

A seleção nas gerações segregantes deve levar em consideração a divergência genética, o desempenho *per se* dos genitores e a complementaridade

alélica. Desse modo, deduz-se que a população segregante F_3 de mamoneira apresenta genótipos promissores para a seleção dos caracteres de interesse da cultura no Recôncavo Baiano.

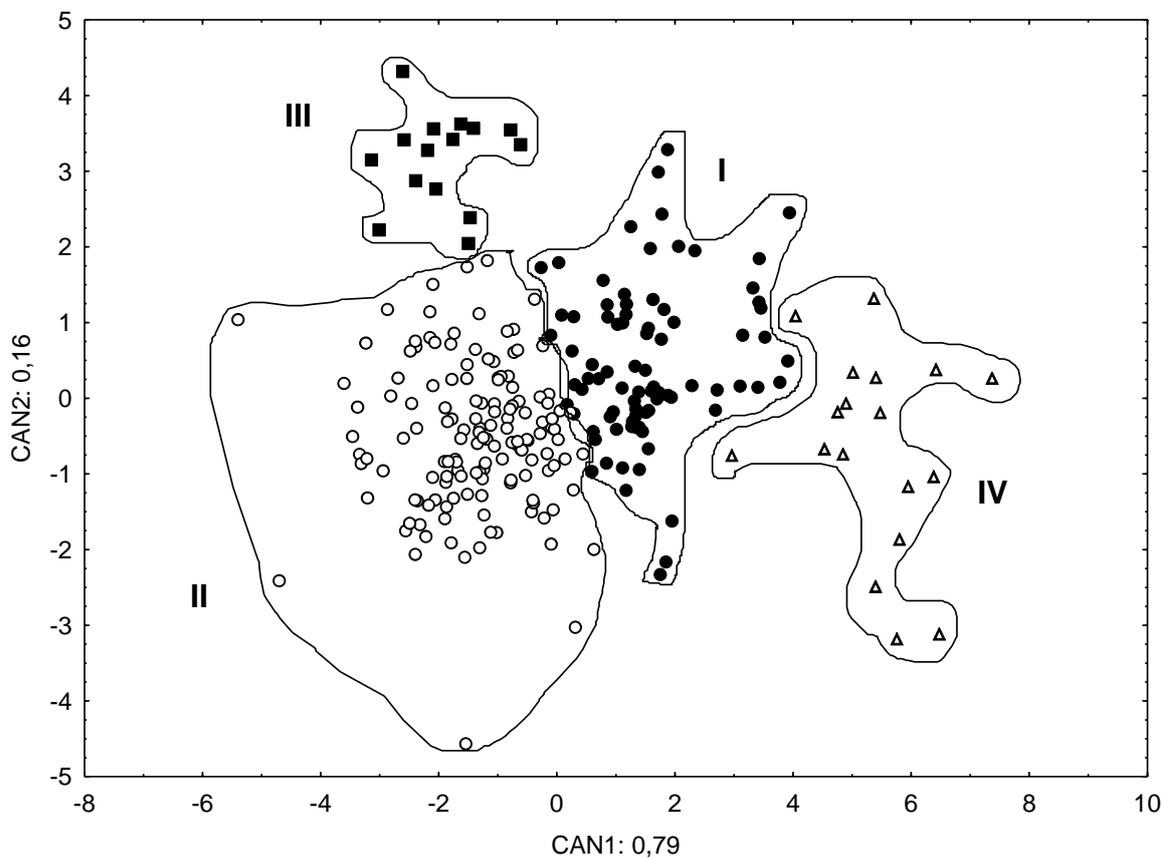


Figura 2. Dispersão gráfica das duas primeiras variáveis canônicas (CAN1 e CAN2) representando a formação de quatro grupos por meio da estratégia Ward-MLM na população segregante F_3 de mamoneira. (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2010).

CONCLUSÕES

1 - A estimativa da divergência genética baseada no procedimento Ward-MLM permitiu identificar a variabilidade existente dentro da população segregante F_3 de mamoneira, bem como possibilita a formação coerente dos grupos.

2 - Os genótipos mais promissores para a seleção no programa pertencem ao grupo IV, por apresentarem bom desempenho para os caracteres avaliados, sobretudo quanto à produtividade, precocidade e ao teor de óleo nas sementes.

3 – Os caracteres que mais contribuem para a divergência genética são o peso de fruto por planta, peso de racemo por planta, produtividade, peso de racemo e número de sementes por planta.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARAL, J. G. C. **Variabilidade genética para características agronômicas entre progênies autofecundadas de mamona (*Ricinus communis* L.) cv. AL Guarany**. 2003. 59 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Agricultura) – Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu.

BAHIA, H. F.; SILVA, S. A.; FERNANDEZ, L. G.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.3, p.357-362, 2008.

BARBÉ, T. C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R; SCAPIM, C. A. Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, Dordrecht, v.173, p.337-343, 2009.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D. A. M. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, 2003.

CAVALCANTE, M.; PAIXÃO, S. L.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. S.; COSTA, J. G. Divergência genética entre acessos de mamona em dez municípios de Alagoas. **Caatinga**, Mossoró, v.21, n.3, p.111-115, 2008.

CERQUEIRA, L. S. **Variabilidade genética e teor de óleo em mamoneira visando ao melhoramento para região de baixa altitude**. 2008. 57f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e

Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

COSTA, M. N.; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. L. A.; FREIRE, E. C.; NÓBREGA, M. B. M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A. P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, p.1617-1622, 2006.

CROSSA, J. & FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, Dordrecht, v.137, p.19-37, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

EMBRAPA. **Centro de Pesquisa Mandioca e Fruticultura Tropical da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**. Cruz das Almas, BA, 2010. Disponível em: <http://www.cnpmf.embrapa./index.php?menu=1&p=a_unidadelocalizacao.php?men=1>. Acesso em: 15 out. 2010.

EVERITT, B. S. A Monte Carlo investigation of the likelihood ratio test for the number of components in a mixture of normal distributions. **Multivariate Behavioral Research**, London, v.16, p.171–180, 1981.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASENÖR, J.; TABA, S.; EBERHART, S. A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1688-1696, 1998.

FRANCO, J. & CROSSA, J. The Modified Location Model for classifying genetic resources: I. Association between categorical and continuous variables. **Crop Science**, Madison, v.42, p.1719-1726, 2002.

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. 1 ed. Lavras: Ed. UFLA, 2008. Cap. 9. p. 361-382.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Heirloom tomato genebank: assessing divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-MLM. **Genetic and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.8, p.364-374, 2009.

GOWER, J. C. General coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington, v. 27, p.857-874, 1971.

LAWRENCE, C. J. & KRZANOWSKI, W.J. **Mixture separation for mixed-mode data**. Statistic Computational, v.6, p.85-92, 1996.

MCLACHLAN, G. J. & BASFORD, K. E. **Mixture models, inference and applications to clustering**. Marcel Dekker: New York, 1988.

MILANI, M.; ANDRADE, F. P.; SILVA, G. A.; MOTA, J. R. **Avaliação de genótipos de porte baixo de mamona na região de Irecê-BA**. Campina Grande - PB. 2006. 3p. (Embrapa Algodão. Comunicado Técnico 279).

MILANI, M.; DANTAS F. V.; MARTINS, W. F. S. Divergência genética em mamoneira por caracteres morfológicos e moleculares. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v.13, n.2, p.61-71, 2009.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**, Editora UFMG, 2005.

ORTIZ, R.; CROSSA J.; FRANCO, J.; SEVILLA, R. Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. **Genetic Resource and Crop Evolution**, Dordrecht, v.55, 151-162, 2008.

PADILLA, G.; CARTEA, M. E.; RODRÍGUES, V. M.; ORDÁS, A. Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* Subs. *rapa* L. from northwestern Spain. **Euphytica**, Dordrecht, v. 145, p.171–180, 2005.

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-REML/BLUP**. Campo Grande: Embrapa, 2006. 305p.

SAMPAIO FILHO, O. M. **Análise descritiva, agrupamento e análise de trilha de cultivares de mamoneira em dois anos de cultivo em Cruz das Almas – BA**. Cruz das Almas - BA, 2009. 78 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

SANTOS, R. C.; MOREIRA, J. A. N.; FARIAS, R. H.; DUARTE, J. M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SAS INSTITUTE (2003). SAS language and procedures: Usage. **Version SAS 9.1.3** SAS Institute, CD-ROM. Cary.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v.58, p.236-244, 1963.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A mamoneira é uma espécie de grande importância para o Nordeste brasileiro, principalmente para a Bahia onde a maioria dos pequenos produtores sobrevive desta cultura. Todavia, apesar de possuir 90 % da área plantada do país, apresenta uma das menores produtividades, com média aproximada de 600 kg.ha⁻¹. Os principais entraves para o aumento do rendimento são o baixo nível tecnológico, disponibilidade de sementes de qualidade e a falta de programas de melhoramento que desenvolvam materiais genéticos adaptados às diferentes condições edafoclimáticas.

O programa de melhoramento genético da mamoneira do NBIO desde 2005 vem desenvolvendo trabalhos para regiões de baixas altitudes e tem demonstrado a capacidade dessa cultura em produzir nesses ambientes.

A avaliação da população segregante F₃ permitiu inferir que existem resultados promissores para dar suporte ao programa como: a variabilidade genética observada, a existência de genótipos divergentes e superiores que podem ser utilizados em futuras seleções para obter ganhos genéticos em relação a caracteres como o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário, estatura de planta, produtividade e teor de óleo em locais de baixa altitude.

Por outro lado, foi observado que os valores para alguns parâmetros como a herdabilidade foram fortemente influenciados pelo ambiente, gerando na sua maioria coeficientes de baixa magnitude. Torna-se importante que métodos de melhoramento mais rigorosos como o genealógico e o single seed descendent (SSD) sejam aplicados nas populações segregantes com o intuito de alcançar progresso genético.

A continuidade da condução das populações segregantes permitirá num futuro bem próximo a obtenção de linhagens superiores que possibilitarão o desenvolvimento de cultivares altamente produtivas, tolerantes às principais pragas e doenças e adaptadas a regiões de baixa altitude, colaborando para

expandir o cultivo da mamoneira, solucionar os principais problemas que a cultura enfrenta e disponibilizar matéria prima para atender em grande escala à demanda crescente pelo óleo de rícino, principalmente para a indústria.