



Revista Ceres

ISSN: 0034-737X

ceresonline@ufv.br

Universidade Federal de Viçosa
Brasil

de Arruda Rodrigues, Helen Cristina; Pereira de Carvalho, Samuel; de Carvalho, Alexandre Alves;
Sandes de Carvalho Filho, José Luiz; Natel Custódio, Telde
Avaliação da diversidade genética entre acessos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio de
caracteres morfoagronômicos
Revista Ceres, vol. 57, núm. 6, noviembre-diciembre, 2010, pp. 773-777
Universidade Federal de Viçosa
Viçosa, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=305226812012>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica
Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Avaliação da diversidade genética entre acessos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio de caracteres morfoagronômicos

Helen Cristina de Arruda Rodrigues¹, Samuel Pereira de Carvalho², Alexandre Alves de Carvalho³, José Luiz Sandes de Carvalho Filho⁴, Telde Natel Custódio⁵

RESUMO

A divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi caracterizar 15 acessos de mamoneira por meio de caracteres morfoagronômicos. O experimento foi conduzido em Lavras, MG, no período de fevereiro a agosto de 2008. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições, e 25 plantas por parcela. Os caracteres avaliados foram: altura da planta, altura do caule, número de internódios, diâmetro do caule e número de racemos. Verificou-se a ocorrência de diferenças significativas pelo teste de F ($P < 0,01$), para o efeito de acessos para todas as variáveis estudadas. Foram estimadas as distâncias genéticas entre os acessos pelo método euclidiano. De acordo com o agrupamento, utilizando o método de Tocher e o método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, baseado na distância euclidiana houve a formação de quatro grupos distintos. Com base nos resultados obtidos neste trabalho, recomendam-se os cruzamentos entre acessos dos grupos I e IV, II e IV, e III e IV.

Palavras-chave: Euforbiaceae, variabilidade, melhoramento de plantas.

ABSTRACTS

Genetic divergence among castor bean accessions based on morphoagronomic traits

Genetic divergence is one of the most important breeding parameters evaluated in the initial phase of a genetic improvement program. The objective of this work was to characterize 15 accessions of castor bean using morphoagronomic traits. The trial was carried out in Lavras, MG, Brazil, from February to August 2008. The experimental design was a randomized complete block design with three replicates and 25 plants per plot. The traits evaluated were: plant height (cm), stem height (cm), number of nodes, diameter of stem and number of clusters. Significant differences (F test: $P < 0.01$) were found for accession effects on all studied traits. Genetic distances among accessions were estimated using the Euclidean method. Four distinct groups were formed using the methods of Tocher and the hierarchical nearest neighbor clustering, based on the Euclidean distance. The results of this work indicate crossings between accessions from groups I and IV, II and IV and III and IV.

Key words: Genetic variability, traits, *Ricinus communis* L.

Recebido para publicação em fevereiro de 2009 e aprovado em novembro de 2010

¹Engenheira Agrônoma, Mestre. Departamento de Tecnologia, Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, Via de acesso Paulo Donato Castellane, s/n, 14884-900, Jaboticabal, SP, Brasil. helenarruda11@gmail.com

²Engenheiro Agrônomo, Doutor. Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Câmpus Universitário, caixa postal 3037, 37200-000, Lavras, MG, Brasil. samuelpc@ufla.br

³Acadêmico de Agronomia. Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Câmpus Universitário, caixa postal 3037, 37200-000, Lavras, MG, Brasil. alexandre.ufla@yahoo.com.br

⁴Engenheiro Agrônomo, Doutor. Departamento de Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, sala 5, dois irmãos, 52171-900, Recife, PE, Brasil. jlsandes2000@yahoo.com.br

⁵Engenheiro Agrônomo, Doutor. Universidade Federal de São João Del-Rei, Rodovia MG 443, km 07, 36420-000, Câmpus Alto Paraopeba, Ouro Branco, MG, Brasil. natel@ufsj.edu.br

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma oleaginosa de elevado valor socioeconômico e fonte de divisas para o país. Seus produtos e subprodutos são utilizados na indústria e na agricultura, além de apresentar perspectivas de uso como fonte energética sob a forma de biodiesel (Costa *et al.*, 2006). Contudo, esta euforbiácea ainda é uma espécie pouco estudada e, embora crescente, a quantidade de cultivares melhorados geneticamente ainda é pequena. Isto porque, segundo Moshkin (1986), existem inúmeros cultivares de mamona, o que pode ser justificado pelo fato de a espécie ser politípica, ou seja, subespécies são geradas em função de diferenças de origens morfológica, genética e ecológica.

A divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em programas que envolvem hibridações, estes estudos fornecem parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na prole (Samal & Jagadev, 1996; Pandey & Dobhal, 1997; Carvalho *et al.*, 2003). Essa quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agromorfológicos, morfológicos e moleculares entre outros (Amorim *et al.*, 2007).

No estudo da divergência genética, podem ser utilizados vários métodos, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. As técnicas de análise multivariada podem ser utilizadas para avaliar a divergência entre acessos e para selecionar os descritores mais importantes na discriminação dos acessos de um banco de germoplasma (Pereira *et al.*, 1992; Amaral Júnior, 1994). Entre as técnicas estatísticas multivariadas, destacam-se a análise de componentes principais e os métodos de agrupamento (Cruz & Regazzi, 1997).

A análise de componentes principais é um método que permite transformar um conjunto de variáveis iniciais correlacionadas entre si, num outro conjunto de variáveis não correlacionadas, que resultam em combinações lineares ortogonais e é utilizada com o objetivo da redução do espaço paramétrico (Silva & Padovani, 2006). Já os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan *et al.*, 2006).

A análise de agrupamento trata da identificação de grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade. Há vários métodos de agrupamento que se diferenciam pelo tipo de resultado e pelas

diferentes formas de definir a proximidade entre indivíduos ou grupos formados. Em todos os casos, não se conhece, *a priori*, o número de grupos a serem estabelecidos e diferentes métodos proporcionam diferentes resultados (Cruz *et al.*, 2004).

A fim de possibilitar a escolha de genitores que viabilizem a formação de populações segregantes para a seleção de genótipos favoráveis à obtenção de novos cultivares, o objetivo deste trabalho foi quantificar a divergência genética entre 15 acessos de mamoneira por meio da análise de agrupamentos com base em caracteres morfoagronômicos.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférrico. O clima da região é temperado suave (mesotérmico), tipo Cwb. A região está localizada a uma altitude de 913 metros, 21° 14' 06" S e 45° 00' 00" O, tem precipitação média anual de 1.493,2 mm, ocorrendo uma maior concentração entre os meses de novembro e fevereiro. A temperatura média anual é de 19,3 °C e a umidade relativa média do ar é de 80% (Castro Neto & Silveira, 1981).

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições e 15 tratamentos, constituídos pelos acessos: 5-007; 5-169; 5-057; 5-004; 5-094; 5-038; 5-008; 5-133; 5-065; 5-040; 5-091; 5-041; 5-115; 5-010; 5-097, procedentes de várias localidades de Minas Gerais e armazenados no Departamento de Engenharia da UFLA. A bordadura utilizada foi o cultivar Mirante-10. Cada parcela foi constituída de 25 plantas de cada acesso, dispostas linearmente no bloco. As posições dos acessos dentro do bloco foram sorteadas ao acaso. O espaçamento foi de 1 m entre fileiras e 1 m entre covas.

O plantio foi realizado em bandejas com areia até a protusão da radícula (aproximadamente cinco dias) em casa de vegetação seguido de transplante para os recipientes com o substrato para um viveiro com sombrite a 50% de luminosidade. Utilizou-se tubetes com capacidade de 55 cm³ e substrato Plantmax-café®, com as seguintes características: pH [água] – 4,7; M.O. – 578 g/kg; C.O. – 321 g/kg; N – 8,12 g/kg; P – 2,81 g/kg; K – 4,80 g/kg; RMT – 422 g/kg; Umidade a 65 °C [%] – 67,22; Condutividade elétrica [µS] – 3,33. Após um período de 20 dias, as mudas foram levadas ao campo.

Antes de se realizar o transplante, a área foi gradeada e sulcada. Foi realizada adubação com NPK, na proporção de 8: 28: 16 (300 kg/ha). O plantio foi realizado em fevereiro de 2008.

Após seis meses de cultivo (180 dias), foram coletados dados de cinco variáveis quantitativas, seguindo metodologia descrita em Veiga *et al.*, (1989), onde:

a) altura da planta (AP) – média das alturas das plantas da parcela, a partir do plano do solo até o ápice do ramo mais alto, em m;

b) altura do caule (AC) – média das medidas efetuadas a partir do solo até a inserção do racemo primário, em m;

c) diâmetro do caule (DC) – média dos diâmetros dos caules, tomada na região mediana, em cm;

d) número de internódios (NI) – média dos números de internódios das plantas da parcela;

e) número de racemos (NC) – média dos números de racemos por planta da parcela;

Os dados foram submetidos à análise de variância univariada para avaliação da existência de variabilidade genética entre os acessos. Posteriormente, foi realizada a análise de variância multivariada para a interpretação e avaliação da variabilidade genética existente entre os acessos. Essas análises foram processadas mediante o programa computacional Genes (Cruz, 2006).

A divergência genética foi determinada com base na análise de agrupamento, apresentadas por Cruz *et al.* (2004). A distância de euclidiana (D) foi utilizada como medida de dissimilaridade.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância univariada para as variáveis de 15 acessos de mamona encontra-se na Tabela 1, em que se verificou a ocorrência de diferenças significativas ($P < 0,01$), entre acessos para todas as variáveis estudadas. As médias das características agrônômicas dos 15 acessos de mamoneira encontram-se na Tabela 2.

Para AP, constatou-se uma altura média de 1,84 m, com 53,33% dos acessos avaliados, apresentando altura de

plantas superior à média geral, com destaque para os acessos 15, 11 e 10, que apresentaram altura superior a 2,0 m. Não existem relatos de qual seria o tamanho ideal das plantas de mamona. Entretanto, plantas de tamanho baixo a médio são preferidas, pois favorecem a realização dos tratos culturais e a colheita. Porém, de acordo com o teste de Scott-Knott para essa mesma característica apenas o acesso 1 diferenciou-se dos demais, apresentando média inferior. A análise revelou ainda que esses acessos (15, 11 e 10) também foram os que apresentaram as maiores médias para altura de caule (AC).

Em relação ao DC, observou-se uma média de 3,44 cm, sendo considerado de acordo com Veiga *et al.*, (1989), plantas de diâmetro fino (Tabela 2). Os acessos 11, 3, 2, 13 e 1 apresentaram médias inferiores em relação aos demais de acordo com o teste de Scott-Knott. O NI com a média de 15 internódios por plantas também é considerado baixo de acordo com o mesmo descritivo, mostrando que essas variáveis estão diretamente correlacionadas, ou seja, quanto maior a altura do caule, maior será a altura da planta, o diâmetro e o número de internódios. Entretanto, destaque deve ser dado para o acesso 11 em relação ao NI, pois este obteve média de 19 internódios por planta, estatisticamente superior aos demais, sendo considerada uma planta alta.

O NC está diretamente relacionado com a altura do caule e com a altura da planta, porque quanto maior a planta, mais cachos irá produzir. Nesse caso, a média foi de 3,73, sendo considerado baixo o número de cacho por planta. Os acessos 2, 3, 10, 12, 13, 14 e 15, foram os que obtiveram plantas com maiores números de cachos, ou seja, sendo considerados acessos de média produtividade.

Em relação ao agrupamento pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, baseado na distância Euclidiana (Figura 1), pode-se observar uma semelhança

Tabela 1. Resumo da análise de variância, média e coeficientes de variação de cinco características avaliadas (AP: Altura de plantas, AC: Altura de caules, DC: Diâmetro de caules, NI: Número de internódios e NC: Número de cachos) em 15 acessos de mamona.

Fonte de Variação	Quadrado médio			
	GL	AP	AC	DC
Acessos	14	0,2608	0,1468	0,6560
Blocos	2	0,1267	0,0480	0,9104
Resíduo	28	0,0493	0,0301	0,0740
Média		1,84	0,98	3,44
CV (%)		12,08	17,66	7,93

Fonte de Variação	Quadrado médio		
	GL	NI	NC
Acessos	14	7,2770	3,0085
Blocos	2	4,5395	1,7742
Resíduo	28	0,4709	0,8894
Média		15,22	3,73
CV (%)		4,5	25,29

* Significativo, pelo teste de F ($P < 0,01$).

Tabela 2. Médias das características agrônômicas (AP: Altura de plantas (m), AC: Altura de caules (m), DC: Diâmetro de caules (cm), NI: Número de internódios, NC: Números de cachos) de 15 acessos de mamoneira.

Acessos	AP	AC	DC	NI	NC
1	0,90b	0,68b	1,83c	14,00c	1,73b
2	1,53a	1,04b	3,10b	16,00b	4,67a
3	1,90a	0,86b	3,23b	15,33b	4,13a
4	1,90a	0,95b	3,60a	16,00b	3,13b
5	1,56a	1,00b	3,77a	14,33c	3,27b
6	1,77a	0,97b	3,77a	14,33c	2,60b
7	1,80a	0,99b	3,87a	16,00b	3,40b
8	1,73a	0,91b	3,77a	14,00c	3,20b
9	1,90a	0,90b	3,87a	16,33b	3,67b
10	2,30a	1,41a	3,73a	15,00b	4,40a
11	2,00a	1,37a	2,97b	19,00a	3,00b
12	1,93a	0,85b	3,53a	15,33b	4,07a
13	1,60a	0,63b	3,17b	12,00d	5,80a
14	1,90a	0,92b	3,90a	15,33b	4,60a
15	2,03a	1,27a	3,57a	15,33b	4,33a
CV (%)	11,87	17,66	7,6	4,7	12,24

⁽¹⁾ Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si de acordo com o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

na capacidade discriminante dos acessos em relação ao método de Tocher (Tabela 3), embora o primeiro método tenha mostrado maior variação formando subgrupos.

Observa-se a formação de quatro grupos distintos (Tabela 3). Os grupos I e II foram formados por um maior número de acessos, uma vez que juntos, incorporaram 73,33% dos 15 acessos avaliados. Segundo Vieira *et al.*

(2005), o estabelecimento de grupos com genótipos com homogeneidade interna e heterogeneidade entre os grupos é o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa deles, a fim de realizar seu aproveitamento nos programas de melhoramento.

Considerando a porcentagem de 70% para a dissimilaridade genética de acordo com o método do vizinho mais próximo, verificou-se a formação de quatro grupos distintos, assim como observado em relação ao agrupamento pelo método de Tocher. O grupo I é representado pelos acessos 13, 15, 6, 7, 8, 10, 4, 11, 5, 9 e 14; o grupo II pelos acessos 3 e 12, o III, pelo acesso 2 e o IV pelo acesso 1, sendo esses dois últimos grupos constituídos por apenas um único acesso cada.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Já nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, diferindo dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (Cruz *et al.*, 2004).

Em relação à importância relativa dos descritores na discriminação dos acessos avaliados, os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram altura de caule e número de racemos (cachos).

Considerando-se que a análise multivariada possibilita a predição da heterose, alguns cruzamentos podem ser sugeridos, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características agro-

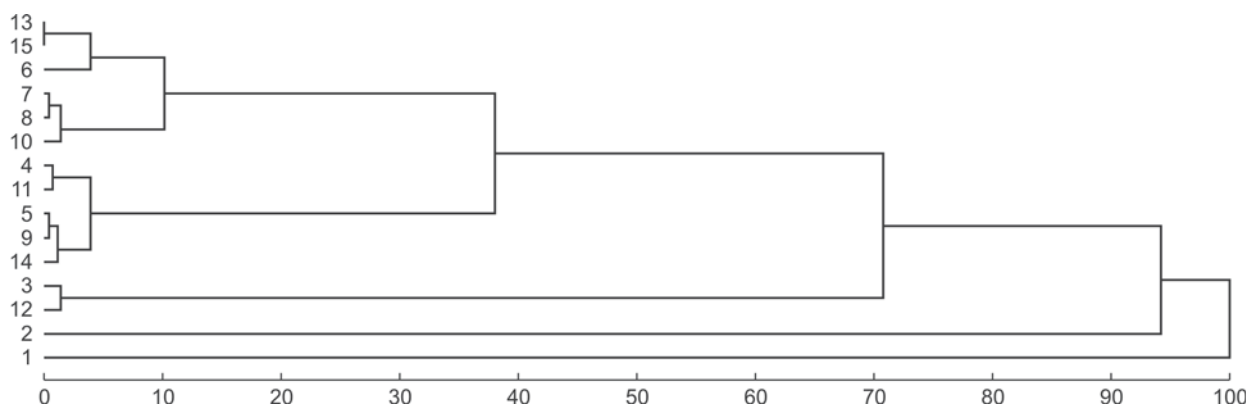


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 15 acessos de mamona, com base na matriz de dissimilaridade com dados quantitativos. No eixo x, encontram-se as distâncias relativas e no y, a identificação dos acessos.

Tabela 3. Resultado do agrupamento de 15 acessos de mamona pelo método de Tocher.

Grupos	Nº de Genótipos	Acessos	Dissimilaridade média intragrupo
1	6	13 15 6 10 8 7	34507,6355
2	5	5 9 14 11 4	16582,3722
3	2	3 12	3178,6462
4	2	1 2	204491,7216

nômicas (Sudré *et al.*, 2005), como por exemplo os acessos 13, 15, 6, 10, 8 e 7, pertencentes ao grupo I com os acessos 5, 9, 14, 11 e 4 pertencentes ao grupo IV.

Vale ressaltar que os dados obtidos foram de apenas um ano de condução do experimento, necessitando de uma definição mais precisa da escolha dos descritores mais consistentes que não poderá ser determinada com apenas um ciclo de produção. Porém, o trabalho realizado demonstrou que as características quantitativas são muito importantes para a avaliação da divergência genética, comprovando que as características morfoagronômicas quantitativas constituem-se uma opção viável como ferramenta na avaliação da divergência genética entre acessos de mamoneira.

CONCLUSÕES

Foram detectados quatro grupos distintos de acessos, demonstrando a existência de diversidade entre os acessos e sugerindo cruzamentos entre acessos de grupos mais divergentes. O grupo I inclui os acessos 13, 15, 6, 10, 8 e 7. O grupo II, os acessos 5, 9, 14, 11 e 4. No grupo III, estão os acessos 3 e 12 e por fim no grupo IV, estão os acessos 1 e 2.

Os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram altura de caule e número de racemos.

REFERÊNCIAS

- AMARAL JÚNIOR AT (1994) Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duchesne). Dissertação de Mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 95p.
- AMORIM EP, RAMOS NP, UNGARO MRG & KIIHL TAM (2007) Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e Agrotecnologia*, 31:1637-1644.
- BERTAN I, CARVALHO FIF, OLIVEIRA AC, VIEIRA EA, HARTWIG I, SILVA JAG, SHIMIDT DAM, VALÉRIO IP, BUSATO CC & RIBEIRO G (2006) Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrobiologia*, 12:279-286.
- CARVALHO LP, LANZA MA, FALLIERI J & SANTOS JW (2003) Análise da divergência genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38:1149-1155.
- CASTRO NETO P & SILVEIRA SV (1981) Precipitação provável para Lavras, Região Sul de Minas Gerais, baseada na função de distribuição de probabilidade gama. I Período mensais. *Ciência e Prática*, 5:144-151.
- COSTA MN, PEREIRA WE, BRUNO RLA, FREIRE, EC, NÓBREGA MBM, MILANI M & OLIVEIRA AP (2006) Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41:1617-1622.
- CRUZ CD (2006) Programa GENES: análise multivariada e simulação. Viçosa, UFV, 175p.
- CRUZ CD & REGAZZI AJ (1997) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Imprensa Universitária, 390p.
- CRUZ CD, REGAZZI AJ & CARNEIRO PCS (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, UFV, p. 223-375.
- MOSHKIN VA (1986). Castor, New Delhi: Amerind, 315p.
- PANDEY G & DOBHALL VK (1997) Multivariate analysis in taro (*Colocasia esculenta* L.). *Indian Journal of Genetics & Plant breeding*, New Delhi, 57:262-265.
- PEREIRA AV, VENCOSKY R & CRUZ CD (1992) Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm. *Revista Brasileira de Genética*, 15:115-124.
- SAMAL KM & JAGADEV PN (1996) Genetic divergence among chickpea cultivars. *Indian Journal of Genetics & Plant breeding*, New Delhi, 56:86-88.
- SILVA NR & PADOVANI CR (2006) Utilização de componentes principais em experimentação agrônômica, 21:98-113.
- SUDRÉ CP, RODRIGUES R, RIVA EM, KARASAWA M & AMARAL JÚNIOR AT (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. *Horticultura Brasileira*, 23:22-27.
- VEIGA RFA, SAVY FILHO A & BANZATTO NV (1989) Descritores mínimos para caracterização e avaliação de mamoneira (*Ricinus communis* L.) aplicados no Instituto Agromômico. IAC:Campinas, n. 125.
- VIEIRA EA, FIALHO JF, FALEIRO FG, FUKUDA WMG & JUNQUEIRA NTV (2005) Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: XI Congresso Brasileiro de Mandioca, Campo Grande. Anais, CBM, CD ROM.