

**DIVERSIDADE GENÉTICA E  
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA  
DA MAMONEIRA**

**HELEN CRISTINA DE ARRUDA RODRIGUES**

**2009**

**HELEN CRISTINA DE ARRUDA RODRIGUES**

**DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO  
MORFOAGRONÔMICA DA MAMONEIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador  
Prof. Samuel Pereira de Carvalho

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2009

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Rodrigues, Helen Cristina de Arruda.

Diversidade genética e caracterização morfoagronômica da  
mamoneira / Helen Cristina de Arruda Rodrigues. – Lavras : UFLA,  
2009.

43 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.

Orientador: Samuel Pereira de Carvalho.

Bibliografia.

1. Mamona. 2. Divergência genética. 3. Acessos. 4. Caracteres. 5.  
Correlações. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.5

**HELEN CRISTINA DE ARRUDA RODRIGUES**

**DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO  
MORFOAGRONÔMICA DA MAMONEIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 16 de fevereiro de 2009.

Prof. Dr. Antônio Carlos Fraga UFLA

Prof. Dr. Carlos Eduardo Magalhães dos Santos UFV

Prof. Dr. Samuel Pereira de Carvalho  
UFLA  
(Orientador)

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL

A Deus, cuja presença constante em minha vida sustenta-me e eleva-me cada vez mais com sua palavra.

Aos meus pais, José Antônio e Teresinha, pelo amor, pelo exemplo de vida, de luta e de fé, pela firmeza de caráter e pelos ideais que me proporcionaram.

Às minhas irmãs queridas, Giselle e Caroline, e ao meu sobrinho Caio, pela alegria de sua presença, pela inspiração, motivação e esperança.

**Ofereço**

## AGRADECIMENTOS

À Santíssima trindade, por fazer tudo em minha vida possível.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) pela realização do curso de Mestrado em Agronomia/Fitotecnia, em especial ao Departamento de Agricultura.

A Capes, pela concessão da bolsa de estudos, apoiando essa pesquisa.

Ao meu orientador Samuel Pereira de Carvalho, por todos os ensinamentos, paciência, atenção e apoio.

Aos professores Antonio Carlos Fraga e Carlos Eduardo Magalhães dos Santos, membros da banca examinadora, pelas sugestões apresentadas.

Ao meu namorado Henrique, pelo amor, carinho, companheirismo, dedicação e paciência, em todos os momentos.

Ao Professor Telde Natel Custódio e Doutorando José Luis Sandes de Carvalho Filho, pela colaboração na realização das análises estatísticas.

Às amigas de república, Luciana e Mariana, pela ótima convivência, apoio, amizade e companheirismo.

Ao Evaldo Arantes de Souza, pela disponibilidade e ajuda.

Ao meu companheiro de pesquisa Alexandre Alves de Carvalho, pela valiosa ajuda na realização desse trabalho.

À minha amiga Flávia Dionísio Pereira, pela ajuda e ensinamentos.

Às colegas e amigas de curso Rose e Priscila.

Aos meus amigos, Denise, Renata, Gabriela, André e Alexandre Diniz que torceram pelo meu sucesso.

Aos funcionários do Departamento de Agricultura, em especial aos funcionários do Setor de Grandes Culturas.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização desse trabalho.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	i
ABSTRACT .....	ii
<b>ARTIGO 1:</b> Divergência genética entre acessos de mamoneira por meio de caracteres multicategóricos .....	1
Resumo .....	1
Abstract .....	2
Introdução .....	3
Material e Métodos .....	5
Resultados e Discussão .....	7
Conclusões .....	13
Referências Bibliográficas .....	14
<b>ARTIGO 2:</b> Diversidade genética de acessos de mamoneira por meio de caracteres morfoagronômicos.....	16
Resumo.....	16
Abstract .....	17
Introdução .....	18
Material e Métodos .....	19
Resultados e Discussão .....	21
Conclusões .....	27
Referências Bibliográficas .....	28
<b>ARTIGO 3:</b> Correlações em caracteres morfoagronômicos de mamoneira.....	31
Resumo .....	31
Abstract .....	32
Introdução .....	33
Material e Métodos .....	34
Resultados e Discussão .....	36
Conclusões .....	41
Referências Bibliográficas .....	42

## RESUMO GERAL

RODRIGUES, Helen Cristina de Arruda. **Diversidade genética e caracterização morfoagronômica da mamoneira**. 2009. 43p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.<sup>1</sup>

Um dos grandes desafios atuais da pesquisa agrícola é a produção de cultivares melhorada de mamoneira, com estabilidade genética, alta qualidade e potencial produtivo. A divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em decorrer disso, o objetivo do presente trabalho foi determinar a diversidade genética através da caracterização e estimação das correlações genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres de acessos de mamona. O experimento em delineamento em blocos ao acaso, com quinze tratamentos e três repetições, foi implantado em Lavras, MG. Os dados foram submetidos à análise de variância, obtendo-se as distâncias genéticas entre os acessos e com base nessas distâncias, realizou-se análise de agrupamento e correlações entre esses acessos para determinação da divergência genética. De acordo com o agrupamento utilizando o método de Tocher, houve a formação de três grupos distintos para os dados qualitativos. Em relação ao agrupamento pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, houve a formação de quatro grupos, recomendando-se os cruzamentos entre acessos superiores pertencentes a grupos diferentes. Já em relação aos dados quantitativos, houve formação de quatro grupos, tanto no método de Tocher, quanto no método hierárquico do “Vizinho mais próximo”. Para correlações, observou-se que houve correlação fenotípica e ambiental positiva entre as variáveis, fornecendo importantes informações para o estabelecimento de um plano de melhoramento genético da mamona a partir dos acessos avaliados.

---

<sup>1</sup>Orientador: Samuel Pereira de Carvalho – UFLA

## GENERAL ABSTRACT

RODRIGUES, Helen Cristina de Arruda. **Genetic diversity and morphoagronomic characterization of castor bean plant.** 2009. 43p. Dissertation (Master in Crop Science) – Federal University of Lavras, Minas Gerais, Brazil.<sup>2</sup>

One of the great current challenges of the agricultural research is the production of improved castor bean cultivars with genetic stability, high quality and high-yielding potential. The genetic divergence is one of the most important parameters evaluated by plant breeders in the early phase of a genetic improvement program. Owing to this, the objective of the present work was to determine the genetic diversity through the characterization and estimation of the genotypic, phenotypic and environmental correlation among traits of castor bean accessions. The experiment in a randomized blocks design, with fifteen treatments and three replicates, was established in Lavras, MG, Brazil. The data were submitted to the variance analysis, the genetic distances being obtained among the accessions and on the basis of these distances, clustering analysis and correlations among these accessions for determination of the genetic divergence were performed. According to the clustering by utilizing Tocher's methods, there was the formation of three distinct clusters for the qualitative data. In relation to the clustering for the hierarchic method of nearest neighbor, there was the formation of four clusters, the crosses among superior accessions belonging to different clusters being recommended. But in relation to the quantitative data, there was the formation of four groups, that is, both in Tocher's method and in the hierarchical method of the nearest neighbor. For correlations, it was found that there was positive phenotypic and environmental correlation among the variables, supplying important information to the establishment of a plan the variable, supplying important information the establishment of a genetic improvement plan of castor bean from the evaluated accessions.

---

<sup>2</sup> Adviser: Samuel Pereira de Carvalho – UFLA

## ARTIGO 1

### DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MAMONEIRA POR MEIO DE CARACTERES MULTICATEGÓRICOS

(Preparado de acordo com as normas da Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira)

#### RESUMO

Objetivou-se este trabalho, determinar a diversidade genética entre quinze acessos de mamona (*Ricinus communis* L.). O experimento foi instalado no delineamento em blocos ao acaso, com quinze tratamentos e três repetições, foi implantado em Latossolo Vermelho distroférico em Lavras, MG. Os dados foram submetidos à análise de variância, obtendo-se as distâncias genéticas entre os acessos e com base nessas distâncias realizou-se análise de agrupamento para determinação da divergência genética. Houve formação de três grupos, ou seja, constatou-se a divergência genética na matriz de dissimilaridade. O grupo I formado por doze genótipos, o grupo II por dois genótipos e o grupo três por apenas um, o acesso 9, sendo esse o mais divergente.

**Termos para indexação:** *Ricinus communis* L., variabilidade genética, agrupamento.

## GENETIC DIVERGENCE AMONG CASTOR BEAN ACCESSIONS THROUGH MULTICATEGORIC TRAITS

### ABSTRACT

This work aimed to determine the genetic diversity among fifteen castor bean accessions (*Ricinus communis* L.). The experiment was set down in a randomized block design with fifteen treatments and three replicates and was implanted in a dystroferric Red Latosol in Lavras, MG, Brazil. The data were submitted to the variance analysis, the genetic distances among the accessions being obtained and on the basis of these distances; clustering analysis for the determination of the genetic divergence was accomplished. There was the formation of three clusters, that is, genetic divergence in the dissimilarity matrix was found. Group I formed by twelve genotypes, group II by two genotypes and group three by only one, accession 9, this one being the most divergent.

**Index terms:** *Ricinus communis* L., genetic variability, cluster.

## INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma importante oleaginosa no cenário econômico e social. O óleo da mamona possui inúmeras aplicações na área industrial, com perspectiva de utilização como fonte energética na produção de biocombustível (Severino et al., 2005).

Para atender a essas perspectivas de uso, torna-se importante a obtenção de cultivares que possibilitam aumentar a produtividade de frutose e o teor de óleo nas sementes, além de possuir resistência às principais pragas e doenças da cultura, aproveitando-se melhor a variabilidade genética da espécie (Carvalho, 2005) e as diversas condições edafo-climáticas do país.

Em decorrência disso, a descrição morfológica e agronômica dos genótipos torna-se importante na avaliação e caracterização de cultivares, por possibilitar a classificação comercial das variedades e a identificação de genótipos com características desejáveis, sendo a produtividade de sementes a mais procurada por produtores (Silva, 1981). Essa caracterização e avaliação são essenciais tanto para estabelecer diferenças ou semelhanças entre acessos de germoplasma, como para estimular sua utilização para resgatar o desenvolvimento das culturas (Figueiredo Neto et al., 2004).

De acordo com Falconer (1987), a variabilidade genética de uma população segregante, necessária nos processos seletivos, é resultante da divergência genética entre os parentais envolvidos nos cruzamentos. Essa divergência genética, segundo Bahia et al. (2008), é importante para o melhoramento, pois reside no fato de que, cruzamentos envolvendo genitores geneticamente diferentes são convenientes para produzir efeito heterótico, além de maior variabilidade genética em gerações segregantes.

Caracteres relacionados à morfologia das plantas são geralmente de natureza qualitativa multicategórica ou qualitativa binária. O uso desses caracteres, com presença de mais de duas classes por variável, tem sido

preferido na caracterização morfológica e na determinação da divergência genética, tendo em vista que a utilização desses dados em forma binária incorre em perda de informação, acarretando menor precisão na determinação da dissimilaridade entre acessos (Cruz & Carneiro, 2003). E de acordo com Sudré et al. (2006), normalmente os dados qualitativos utilizados nas análises multivariadas são de natureza binária, isto é, ausência (0) ou presença (1) de uma determinada característica, porém para a caracterização morfo-agronômica são mais utilizadas as variáveis multicategóricas, com mais de duas classes por variável.

Para variáveis multicategóricas usa-se o índice de dissimilaridade, em que determinado valor expressa a porcentagem de coincidência de similaridade considerando os vários caracteres analisados. Assim, obtém-se a matriz de dissimilaridade a partir desses índices para posterior realização das análises de agrupamento (Cruz & Carneiro, 2003).

Abreu et al. (2002) utilizaram 33 variáveis multicategóricas para estudar a divergência genética entre 34 acessos de tomateiro. A análise permitiu a separação dos acessos em dez grupos pelo método de agrupamento de Tocher.

Visando caracterizar morfoagronomicamente os recursos genéticos da pimenta, Bento et al. (2007), verificaram que no dendrograma obtido pelo método de agrupamento do vizinho mais próximo, houve a formação de dois grupos bem distintos, com distância genética de 68%. O grupo I reuniu 28 acessos enquanto o grupo II ficou apenas com o acesso UENF 1622.

Desta forma, o presente trabalho tem o objetivo caracterizar morfológicamente e avaliar a diversidade genética entre os 15 acessos de mamona.

## MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi conduzida na área experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférico. O clima da região é temperado suave (mesotérmico), tipo Cwb. “A região está localizada a uma altitude de 913 metros, 21°14’06” latitude S e 45° 00’ 00” longitude, tem precipitação média anual de 1493,2 mm ocorrendo maior concentração entre os meses de novembro e fevereiro, temperatura média anual é 19,3 °C e umidade relativa do ar é 80% (Castro Neto & Silveira, 1981).

As sementes de cada acesso de mamona utilizadas foram obtidas de várias localidades de Minas Gerais, em que, cada acesso continha apenas sementes da mesma localidade, sendo utilizados quinze acessos os quais estão representados na tabela 1.

**TABELA 1.** Descrição da ascendência de acessos de mamoneira. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Acessos	Ascendência
1	5-007
2	5-169
3	5-057
4	5-004
5	5-094
6	5-038
7	5-008
8	5-133
9	5-065
10	5-040
11	5-091
12	5-041
13	5-115
14	5-010
15	5-097

O plantio foi realizado por mudas pré-estabelecidas, ou seja, sementes foram semeadas em bandejas com areia até a protusão da radícula (aproximadamente cinco dias) em casa de vegetação e depois transplantadas, por mais 20 dias, para recipientes com o substrato colocado no interior de viveiro com sombrite 50% de luminosidade. Utilizou-se tubetes com capacidade de 55 cm<sup>3</sup>, e como substrato foi usado o Plantmax-café<sup>®</sup>, que possui 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 à 65 °C [%] – 67,22; Condutividade elétrica [µS] – 3,33.

Antes de se realizar o plantio, a área foi gradeada e depois sulcada, com espaçamento de 1,00 m entre plantas e entrelinhas. Posteriormente realizou adubação com NPK, na proporção de 8:28:16 (300 kg/ha). O plantio foi realizado em meados de fevereiro de 2008, onde as mudas prontas foram levadas para campo.

O delineamento estatístico foi de blocos casualizados, com três repetições sendo cada parcela constituída por uma linha de 25 plantas. Foi utilizada bordadura com a cultivar Mirante 10.

As avaliações começaram a ser feitas aos 45 dias após o plantio. Como a caracterização morfológica objetiva a diferenciação fenotípica entre os acessos, foram utilizados descritores de fácil identificação e expressão, e com alta herdabilidade. Os acessos foram avaliados com relação a descritores de caule (cor, tipo de ramificação), folha (cor das folhas jovens, cor das nervuras e cor das folhas adultas), flor (coloração), fruto (densidade, cor, deiscência, formato do racemo e presença de espinhos).

Os dados foram obtidos a partir da nota dada a cada acesso com relação ao descritor analisado e utilizados na estimativa da similaridade genética ( $SG=d_{ii}$ ) entre todos os pares de acessos, por meio do índice de coincidência

simples. Este índice leva em consideração a ocorrência de concordância e discordância entre valores.

Em que:

$$SG = C/C+D$$

Sendo:

C – Concordância de categoria

D – Discordância de categoria

A matriz de similaridade foi transformada em uma matriz de dissimilaridade genética (DG) a partir do complemento da matriz de similaridade estimada ( $DG = 1 - SG$ ).

Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade genética, os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher, o que permitiu o estabelecimento de grupos. Também foram utilizados o método hierárquico do vizinho mais próximo, constituindo a tabela de frequências de cada carácter estudado. Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2007).

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Pela análise de variância houve diferenças significativas entre tratamentos para quase todos os caracteres, o que indica, a princípio, que há divergência entre acessos e cultivares. Os caracteres fenotípicos avaliados, suas classes e a frequência dos acessos em cada uma das classes são apresentados na Tabela 2.

**TABELA 2.** Caracteres avaliados, classes fenotípicas e frequências de 10 variáveis multicategóricas. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Carácter	Classe fenotípica	Frequência de acessos	Acessos
Cor cacho	1. Verde c/ cera	11	1,2,3,4,5,7,8,11,12,13,14
	2. Verde escuro	3	6,9,10
	3. Vermelho	1	15
Cor nervuras	1. Avermelhado	4	6,10,12,15
	2. Verde escuro	11	1,2,3,4,5,7,8,9,11,13,14
Cor folhas jovens	1. Bronzeado	3	6,12,15
	2. Verde escuro	9	1,2,4,7,8,10,11,13,14
	3. Verde/bronzeado	3	3,5,9
Cor caule	1. Acaju	3	6,10,15
	2. Rosa c/ cera	10	1,2,3,4,5,7,8,12,13,14
	3. Verde c/ cera	1	11
	4. Verde-rosa s/ cera	1	9
Tipo ramificação	1. Taça	4	1,5,7,12
	2. Trifurcada	8	2,3,6,8,9,10,11,15
	3. Universal	3	4,13,14
Densidade fruto	1. Rala	5	4,7,8,11,13
	2. Moderada	10	1,2,3,5,6,9,10,12,14,15
Formato racemo	1. Cilíndrica	8	1,4,5,9,10,13,14,15
	2. Cônica	1	7
	3. Esférica	2	3,11
	4. Trocônica	4	2,6,8,12
Deiscência	1. Semideiscente	1	9
	2. Deiscente	2	11,15
	3. Indeiscente	12	1,2,3,4,5,6,7,8,10,12,13,14
Cor folha adulta	1. Acaju	1	15
	2. Verde	12	1,2,3,4,5,7,8,10,11,12,13,14
	3. Verde escuro	2	6,9
Presença de espinhos no fruto	0. Ausência	1	1
	1. Presença	14	2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15

A diversidade constatada entre os genótipos foi observada preliminarmente nos caracteres coloração, formato do racemo e tipo de ramificação, sendo inclusive, facilmente visualizada nas plantas utilizadas neste experimento.

Uma vez que todos os caracteres avaliados apresentaram variabilidade, pode-se dizer que estes acessos representam fonte de germoplasma para programas de melhoramento genético. O conhecimento de diferenças em constituições genéticas dentro de grupos ou entre grupos de genótipos tem sido de grande importância para qualquer programa de melhoramento. Importância que está relacionada com a necessidade de identificar genitores com diferenças genéticas que produzam progênies de maior heterose, aumentando, assim, a probabilidade na obtenção de indivíduos superiores (Cruz & Regazzi, 1997).

As medidas de dissimilaridade podem evidenciar a intensidade de variabilidade genética, como por exemplo, a distância Euclidiana, através da matriz de dissimilaridade genética (Tabela 3).

**TABELA 3.** Matriz de dissimilaridade genética com base na distância euclidiana entre quinze acessos de mamoneira. UFLA, Lavras, MG, 2009.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	0,7	0,6	0,7	0,8	0,5	0,8	0,8	0,7	0,7	0,8	0,6	0,7	0,8	0,2
		0,8	0,7	0,7	0,6	0,8	0,9	0,6	0,6	0,8	0,7	0,7	0,8	0,3
			0,6	0,8	0,5	0,7	0,7	0,7	0,5	0,8	0,6	0,6	0,7	0,3
				0,7	0,4	0,7	0,7	0,6	0,6	0,7	0,5	1,0	0,9	0,2
					0,6	0,8	0,8	0,9	0,7	0,8	0,7	0,7	0,8	0,3
						0,6	0,7	0,7	0,8	0,6	0,9	0,4	0,5	0,4
							0,9	0,7	0,7	0,9	0,7	0,7	0,8	0,2
								0,7	0,7	0,9	0,8	0,7	0,8	0,2
									0,8	0,7	0,6	0,6	0,7	0,3
										0,7	0,7	0,6	0,7	0,4
											0,7	0,7	0,8	0,2
												0,5	0,6	0,4
													0,9	0,2
														0,3

No agrupamento pelo método de Tocher verificou-se a formação de apenas três grupos, os quais são apresentados na Tabela 3. O grupo I foi representado pelos acessos 4, 13, 14, 7, 8, 2, 1, 5, 3, 12, 11, 10, o grupo II pelos acessos 6 e 15 e por fim o grupo III, que foi representado pelo acesso 9.

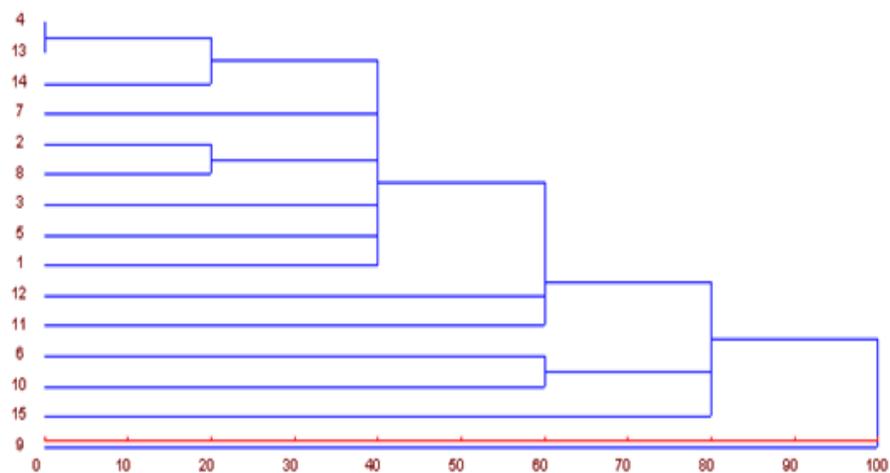
Em cada grupo, os acessos apresentaram uma distância genética média de 0,35, o que demonstra a formação de grupos bastante homogêneos. A identificação de genótipos internamente mais homogêneos, em uma população segregante é importante, de acordo com Freitas et al. (2001), tanto para o melhoramento genético, como para a possível utilização direta destas plantas como uma nova cultivar. Segundo Vieira et al. (2005), o estabelecimento de grupos, sejam homogêneos (dentro) ou heterogêneos (entre) é o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa dos mesmos, a fim de realizar seu aproveitamento nos programas de melhoramento.

**TABELA 4.** Grupos de acessos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade genética. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Grupos	Nº de Genótipos	Acessos	Dissimilaridade média intragrupo
1	12	4 13 14 7 8 2 1 5 3 12 11 10	0,35
2	2	6 15	0,40
3	1	9	.

O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher, apresentado em Cruz & Carneiro (2006), constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos genótipos em grupos de uma só vez. Sudré et al. (2006), estudando as variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão, encontraram, por meio do método de Tocher, oito grupos distintos, concluindo que a análise de variáveis multicategóricas demonstrou ter um grande potencial de uso na caracterização e manejo de bancos de germoplasma. Vieira et al. (2005), caracterizando morfológicamente 356 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de mandioca (Embrapa cerrado), particionaram os acessos avaliados em 34 grupos distintos. E ainda, Gomes (2007), determinando a divergência genética entre clones de mandioca por meio de caracteres multicategóricos, encontraram 27 grupos distintos entre 100 clones avaliados.

O critério de agrupamento adotado pelo método hierárquico vizinho mais próximo, representado na Figura 1, estabelece que primeiramente seja formado um grupo de genótipos similares (Cruz & Regazzi, 1997). Vale ressaltar, que utilizando esse método, não há a preocupação com um número ótimo de grupos, uma vez que o número de ramificações obtidas no diagrama é mais interessante (Cruz, 2001).



**FIGURA 1.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 15 acessos de mamona, com base na matriz de dissimilaridade. No eixo x, encontram-se as distâncias relativas e no eixo y, a identificação dos acessos. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Considerando-se a proximidade dos acessos entre si, verifica-se a formação de 4 grupos. O grupo I contém 3 subgrupos. O subgrupo I (a) é constituído pelos acessos 4, 13 e 14; o I (b) pelos acessos 2 e 8; o I (c) pelos acessos 7, 3, 5 e 1. E ainda, completando o grupo I, os acessos 11 e 12.

O grupo II não apresentou subdivisões, sendo representado pelos acessos 6 e 10. De maneira semelhante, não apresentando subgrupos, o grupo III foi formado apenas pelo acesso 15 e o grupo IV apenas pelo acesso 9.

Gomes (2007) observou que alguns grupos e subgrupos formados por esse método apresentaram os mesmos clones que os grupos formados quando se utilizou o método de Tocher, evidenciando a concordância e a consistência dos grupos formados.

Para Sudré et al. (2006), a coleta de dados multicategóricos é uma prática econômica e com menor demanda de tempo, comparada a dados quantitativos e moleculares. Entretanto, cada um tem sua importância singular,

sendo preferível que uma coleção de germoplasma seja amplamente estudada para que possa dar maior suporte aos programas de melhoramento.

### **CONCLUSÕES**

A utilização dos caracteres multicategóricos mostrou-se eficiente para determinação da divergência genética entre acessos de mamona.

No agrupamento pelo método de Tocher verificou-se a formação de três grupos distintos.

No agrupamento pelo método hierárquico do “Vizinho mais próximo” verificou-se a formação de quatro grupos distintos.

### **AGRADECIMENTOS**

A Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao CNPq, FAPEMIG e FINEP, pelo apoio financeiro em projetos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, F.B.; MARIM, B.G.; SILVA, D.J.H.; GUIMARÃES, M.A.; LUCA, C.A.C.; FAGUNDES, R.A.R. Determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro mediante a utilização de variáveis multicategóricas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.2, 2002. Suplemento 2.
- 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, mar. 2008.
- BENTO, C.S.; SUDRÉ, C.P.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, M.G. Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.8, n.2, p.149-156, 2007.
- CARVALHO, B.C.L. **Manual de cultivo da mamona**. Salvador: EBDA, 2005. 65p.
- CASTRO NETO, P.; SILVEIRA, S.V. Precipitação provável para Lavras, região Sul de Minas Gerais, baseada na função de distribuição de probabilidade gama: I, período mensais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.5, n.2, p.144-151, jul./dez. 1981.
- CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 585p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES versão windows: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 2007. 642p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Divergência genética. In: \_\_\_\_\_. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1997. cap. 6, p.287-324.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. cap. 1, 279p.

FIGUEIREDO NETO, A.; ALMEIDA, F.A.C.; GOUVEIA, J.P.G.; NÓBREGA, M.B.M.; CARNEIRO, R.M.; PEDROZA, J.P. Divergência genética em acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) baseada nas características das sementes. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, Campina Grande, v.4, n.2, p.1-10, 2004.

FREITAS, L.H.C.; SCHIFINO-WITTMANN, M.T.; PAIM, N.R. Variabilidade intra e intergenotípica em uma população de híbridos entre *Leucaena leucocephala* e *L. diversifolia*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.8, p.1069-1976, 2001.

GOMES, C.N. **Caracterização morfo-agronômica e diversidade genética em mandioca *Manihot esculenta* Crantz**. 2007. 71p. Dissertação (Mestrado em Agronomia Fitotecnia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SEVERINO, L.S.; MORAES, C.R.A.; FERREIRA, G.B.; CARDOSO, G.D.; GONDIM, T.M.S.; BELTRÃO, N.E.M.; VIRIATO, J.R. **Crescimento e produtividade da mamoneira sob fertilização química em região semi-árida**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2005. 20p. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 62).

SILVA, H.T. da. **Caracterização morfológica, agrônômica e fenológica de cultivares de feijão ( *Phaseolus vulgaris* L.) comumente plantada em diversas regiões do Brasil**. Goiânia: Embrapa-CNPAF, 1981. 51p. (Embrapa-CNPAF. Circular técnica, 15).

SUDRÉ, C.P.; CRUZ, C.D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; SILVA, D.J.H.; PEREIRA, T.N.S. Variáveis multicatóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.24, n.1, p.88-93, 2006.

VIEIRA, E.A.; FIALHO, J.F.; FALEIRO, F.G.; FUKUDA, W.M.G.; JUNQUEIRA, N.T.V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande, MG. **Anais...** Campo Grande, 2005. CD-ROM.

## ARTIGO 2

### DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MAMONEIRA POR MEIO DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

(Preparado de acordo com as normas da Revista Ceres)

#### RESUMO

A divergência genética é um importante parâmetro avaliado por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em decorrência disso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a caracterização de 15 acessos de mamoneira por meio de caracteres morfo-agronômicos. Foram avaliados em Lavras, MG, no delineamento de blocos casualizados com três repetições. Os caracteres avaliados foram altura da planta (m), altura do caule (m), número de internódios, diâmetro do caule (cm), número de cachos, estande final e peso de 100 sementes (g). Verificou-se a ocorrência de diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) pelo teste de F, para o efeito de acessos em todas as variáveis estudadas, exceto para estande final. De acordo com o agrupamento utilizando o método de Tocher, houve a formação de quatro grupos distintos. Em relação ao agrupamento pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, baseado na distância euclidiana, pode-se observar uma maior capacidade discriminante dos acessos em relação ao método de Tocher. Com base nos resultados obtidos neste trabalho, recomendam-se os cruzamentos entre acessos superiores pertencentes a grupos diferentes.

**Termos para indexação:** *Ricinus communis* L.; variabilidade genética; caracteres.

## GENETIC DIVERSITY OF CASTOR BEAN ACCESSIONS BY MEANS OF MORPHOAGRONOMIC TRAITS

### ABSTRACT

Genetic divergence is one of the most important parameters evaluated by plant breeders in the early phase of a genetic improvement program. Owing to this, the objective of the present work was to evaluate the characterization of 15 castor bean accessions by means of morphoagronomic characters. They were evaluated in Lavras, MG, in a randomized block design with three replicates. The evaluated traits were plant height, stem height, number of nodes, stem diameter, final number of clusters, final stand and weight of 100 seeds. The occurrence of significant differences by F test ( $P < 0.01$ ) was found for the effect of effect of accessions in all the variables investigated, except for final stand. According to the clustering by using Tocher's method, there was the formation of four distinct groups. In relation to the clustering by the hierarchic method of the "Nearest Neighbor", based in the distance Euclidean, one can observe an increased discriminating capacity of the accessions in relation to the Tocher's method. On the basis of the results obtained in this work, the crosses among superior accessions belonging to different clusters are recommended.

**Index terms:** *Ricinus communis* L; genetic variability; characters.

## 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 ou 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 a quantidade de cultivares melhorada geneticamente ainda é pequena. Isto porque, segundo Moshkin (1986), existem inúmeras variedades de mamona, o que pode ser justificado pelo fato da espécie ser politípica, ou seja, subespécies são geradas em função de diferenças de origens morfológica, genética e ecológica.

Estudar a distribuição da variância genética entre e dentro de populações de uma espécie é de fundamental importância para delimitar as estratégias ótimas para a conservação, manejo e melhoramento de organismos em geral (Sebbenn et al., 1999).

A descrição morfológica e agrônômica dos genótipos torna-se importante na avaliação e caracterização de cultivares, por possibilitar a classificação comercial das variedades e a identificação de genótipos com características desejáveis, sendo a produtividade de bagas e de sementes a mais procurada por produtores (Silva, 1981). Essa caracterização e avaliação são essenciais tanto para estabelecer diferenças ou semelhanças entre acessos de germoplasma, como para estimular sua utilização para resgatar o desenvolvimento das culturas (Figueiredo Neto et al., 2004).

A divergência genética é um importante parâmetro avaliado por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em programas que envolvem hibridações, este estudo fornece parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie (Samal & Jagadev, 1996; Pandey & Dobhal,

1997; Carvalho et al., 2003). Essa quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agrônômicos, 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 agrupamento (*cluster analysis*) 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 & Carneiro, 2003).

Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a divergência entre 15 acessos de mamoneira por meio de caracteres morfoagronômicos.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférico. O clima da região é temperado suave (mesotérmico), tipo Cwb. “A região está localizada a uma altitude de 913 metros, 21°14’ 06” latitude S e 45° 00’ 00” longitude O, tem precipitação média anual de 1493,2 mm ocorrendo maior concentração entre

os meses de novembro e fevereiro, com temperatura média anual é 19,3 °C e umidade relativa do ar é 80% (Castro Neto & Silveira, 1981).

As sementes de cada acesso de mamona utilizadas foram obtidas de várias localidades de Minas Gerais, em que, cada acesso continha apenas sementes da mesma localidade, sendo utilizados quinze acessos.

O plantio foi realizado por mudas pré-estabelecidas, ou seja, sementes foram semeadas em bandejas com areia até a protusão da radícula (aproximadamente cinco dias) em casa de vegetação e depois transplantadas, por mais 20 dias, para recipientes com o substrato colocado no interior de viveiro com sombrite 50% de luminosidade. Utilizou-se tubetes com capacidade de 55 cm<sup>3</sup>, e como substrato foi usado o Plantmax-café<sup>®</sup>, que possui 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 à 65 °C [%] – 67,22; Condutividade elétrica [μS] – 3,33.

Antes de ser realizar o plantio, a área foi gradeada e depois sulcada, deixando-a dividida no delineamento em blocos, sendo cada bloco constituído de 25 plantas por linha, perfazendo uma parcela. As plantas foram espaçadas entre si e nas entrelinhas em 1m. Foi utilizada bordadura com a cultivar Mirante 10. Foi realizada uma adubação com NPK, na proporção de 8: 28: 16 (300 kg/ha). O plantio foi realizado em fevereiro de 2008, em que as mudas prontas foram levadas para campo.

Foram coletados dados de sete variáveis quantitativas: **a)** Altura da planta (AP) – média das alturas das plantas da parcela em m; **b)** altura do caule (AC) – altura média do caule acima do solo até o primeiro racemo, 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 cacho (NC) – média dos

números de cacho por planta da parcela; f) peso de 100 sementes (PS) e estande final (ES).

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

Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2007).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância para as variáveis de 15 acessos de mamona encontra-se na Tabela 1, em que se verificou a ocorrência de diferenças significativas a ( $P < 0,01$ ) pelo teste de F, para o efeito de acessos para todas as variáveis estudadas, exceto para estande final. As médias das características agrônômicas dos quinze acessos de mamoneira de acordo com o teste de Scott-Knott encontram-se na tabela 2.

**TABELA 1.** Resumo da análise de variância, média e coeficientes de variação de seis características avaliadas em 15 acessos de mamona. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio		
		AP (m)	AC (m)	DC (cm)
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	GL	Quadrado médio		
		NI	NC	PS
Acessos	14	7,2770*	3,0085*	135,0200*
Blocos	2	4,5395	1,7742	0,0005
Resíduo	28	0,4709	0,8894	0,0002
Média		15,22	3,73	47,79
CV (%)		4,5	25,29	15,82

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

**TABELA 2.** Médias das características agronômicas de quinze acessos de mamoneira avaliadas em Lavras, MG <sup>(1)</sup>, 2009.

Carac. Agron.	AP	AC	DC	NI	NC	PS	EF
Acessos							
1	0,90b	0,68b	1,83c	14,00c	1,73b	33,07o	18,00a
2	1,53a	1,04b	3,10b	16,00b	4,67a	38,30n	18,33a
3	1,90a	0,86b	3,23b	15,33b	4,13a	57,30b	17,33a
4	1,90a	0,95b	3,60a	16,00b	3,13b	43,40m	16,33a
5	1,56a	1,00b	3,77a	14,33c	3,27b	45,90i	12,67a
6	1,77a	0,97b	3,77a	14,33c	2,60b	49,10h	12,67a
7	1,80a	0,99b	3,87a	16,00b	3,40b	52,90c	18,33a
8	1,73a	0,91b	3,77a	14,00c	3,20b	52,60d	15,33a
9	1,90a	0,90b	3,87a	16,33b	3,67b	45,50j	16,33a
10	2,30a	1,41a	3,73a	15,00b	4,40a	51,90e	19,33a
11	2,00a	1,37a	2,97b	19,00a	3,00b	43,80l	18,67a
12	1,93a	0,85b	3,53a	15,33b	4,07a	57,90a	16,33a
13	1,60a	0,63b	3,17b	12,00d	5,80a	50,20f	17,33a
14	1,90a	0,92b	3,90a	15,33b	4,60a	44,90k	17,67a
15	2,03a	1,27a	3,57a	15,33b	4,33a	50,10g	20,33a
CV (%)	11,87	17,66	7,6	4,7	12,24	0,03	15,82

Para AP, constatou-se uma altura média de 1,84 m, com 67% dos acessos avaliados apresentando altura de plantas superior à média geral. 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 baixas a médias são preferidas, pois favorecem a realização dos tratos culturais e a colheita. A AC revela-nos que também esses acessos foram os que apresentaram as maiores alturas de caule.

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, porém,

analisando os acessos independentemente, os acessos 14, 7 e 9, apresentaram os maiores diâmetros, sendo considerados acessos de plantas com diâmetro médio. O NI com a média de 15 internódios por plantas também é considerado baixo de acordo com o mesmo descritivo, mostrando-nos 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, sendo considerada uma planta alta.

O NC está diretamente relacionado com a altura do caule e 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 14, 2 e 13 foram os que obtiveram plantas com maiores números de cachos, ou seja, sendo considerados acessos de média produtividade.

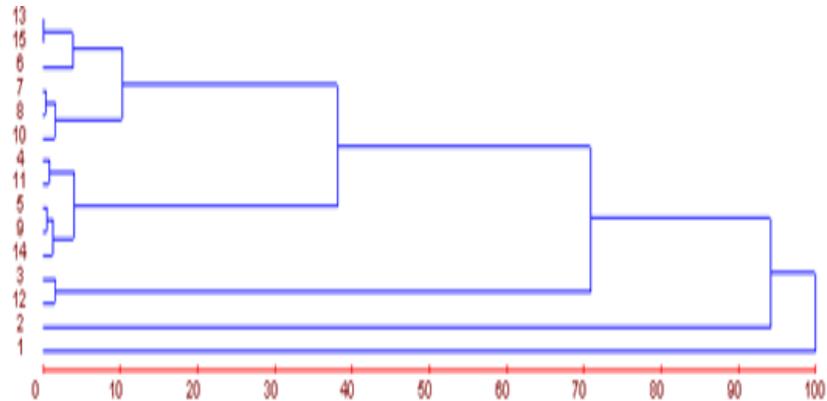
Para peso de 100 sementes, se destacou o acesso 12, com média de 57,9 g sendo considerada uma planta com sementes grandes.

As medidas de dissimilaridade podem evidenciar a intensidade de variabilidade genética, como por exemplo, a distância Euclidiana, através da matriz de dissimilaridade genética (Tabela 3).

**TABELA 3.** Matriz de dissimilaridade genética com base na distância euclidiana entre quinze acessos de mamoneira. UFLA, Lavras, MG, 2009.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	5,586	6,190	5,477	6,295	5,941	6,194	5,807	6,035	7,813	6,535	6,555	6,075	6,260	6,845
		3,073	2,180	3,567	4,089	2,919	3,549	2,319	3,244	3,120	3,363	4,029	1,912	2,475
			2,512	3,171	3,200	1,768	2,066	2,302	3,242	4,153	0,730	3,286	2,277	2,655
				2,095	2,312	1,815	2,069	0,849	3,429	3,177	2,448	4,358	1,755	2,869
					1,073	3,074	1,832	2,241	4,053	4,706	2,790	4,386	2,784	4,003
						3,000	1,506	2,514	4,508	4,888	2,816	4,579	3,226	4,319
							1,972	1,566	2,880	3,473	1,733	4,202	1,832	2,144
								2,063	3,766	4,719	1,751	3,515	2,361	3,359
									3,375	3,474	2,108	4,177	1,303	2,824
										3,661	3,329	5,085	2,942	1,296
											4,390	6,592	3,969	3,236
												3,460	2,231	2,920
													3,370	4,443
														2,280

Em relação ao agrupamento pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, baseado na distância euclidiana (Figura 1), pode-se observar uma semelhança na capacidade discriminante dos acessos em relação ao método de Tocher (Tabela 4).



**FIGURA 1.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre quinze 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. UFLA, Lavras, MG, 2009.

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.

**TABELA 4.** Resultado do agrupamento pelo método de Tocher. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Grupos	Nº de Genótipos	Acessos	Dissimilaridade média intragrupo
1	6	13 15 6 10 8 7	0,34
2	5	5 9 14 11 4	0,16
3	2	3 12	0,03
4	2	1 2	2,04

Pode-se observar, de acordo com a tabela, a formação de 4 grupos distintos. O grupo I inclui os acessos 13, 15 6 10 8 e 7; o II, 5, 9 14 11 e 4; o III, os acessos 3 e 12 e por fim, o grupo IV, os acessos 1 e 2. Os grupos I e II foram formados por um maior número de acessos, uma vez que juntos, incorporaram 73,33% dos quinze acessos avaliados. Segundo Vieira et al. (2005), o estabelecimento de grupos com genótipos com homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos é o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa dos mesmos, a fim de realizar seu aproveitamento nos programas de melhoramento.

Em geral, os métodos de Tocher e do “Vizinho Mais Próximo” mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos acessos. Da mesma forma do que ocorreu com o método de Tocher, o método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” também apresentou a maior porção dos acessos alocados no grupo I. A característica que mais contribuiu para a explicação da divergência genética entre os 15 acessos de mamona de acordo com a matriz de dissimilaridade genética com base na distância de Mahalanobis foi o peso de 100 sementes (99%). Resultados semelhantes foram observados por Zuin et al.

(2007), que também verificaram que os métodos de Tocher e do “Vizinho mais próximo” mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos acessos.

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 agronômicas (Sudré et al., 2005). Com base nos resultados obtidos neste trabalho, recomenda-se os cruzamentos entre acessos pertencentes a grupos diferentes.

### **CONCLUSÕES**

- Existe alta variabilidade genética entre os genótipos.
- Características morfoagronômicas quantitativas constituem-se em uma alternativa viável na avaliação da divergência genética de mamona.
- Pode ser recomendados cruzamentos entre acessos superiores de grupos diferentes, devido à sua alta divergência.

### **AGRADECIMENTOS**

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao CNPq, FAPEMIG e FINEP, pelo apoio financeiro em projetos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMARAL JÚNIOR, A.T. do. **Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duchesne)**. 1994. 95f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007.
- CARVALHO, L.P. de; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. dos. Análise da divergência genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.10, p.1149-1155, 2003.
- CASTRO NETO, P.; SILVEIRA, S.V. Precipitação provável para Lavras, região Sul de Minas Gerais, baseada na função de distribuição de probabilidade gama: I, período mensais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.5, n.2, p.144-151, jul./dez. 1981.
- 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, n.11, p.1617-1622, 2006.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES versão windows**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2007. 642p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v.1, 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480p.
- FIGUEIREDO NETO, A.; ALMEIDA, F.A.C.; GOUVEIA, J.P.G.; NÓBREGA, M.B.M.; CARNEIRO, R.M.; PEDROZA, J.P. Divergência genética em acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) baseada nas características das sementes.

**Revista de Biologia e Ciências da Terra**, Campina Grande, v.4, n.2, p.1-10, 2004.

MOSHKIN, V.A. (Ed.). **Castor**. New Delhi: Amerind, 1986. 315p.

PANDEY, G.; DOBHAL, V.K. Multivariate analysis in taro (*Colocasia esculenta* L.). **Indian Journal of Genetics & Plant breeding**, New Delhi, v.57, n.3, p.262-265, 1997.

PEREIRA, A.V.; VENCOVSKY, R.; CRUZ, C.D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.15, n.1, p.115-124, 1992.

SAMAL, K.M.; JAGADEV, P.N. Genetic divergence among chickpea cultivars. **Indian Journal of Genetics & Plant breeding**, New Delhi, v.56, n.1, p.86-88, 1996.

SEBBENN, A.M.; SIQUEIRA, A.C.M.F.; KAGEYAMA, P.Y.; DIO JÚNIOR, O.J. Variação genética entre e dentro de populações de amendoim *Pterogyne nitens*. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n.56, p.29-40, 1999.

SILVA, H.T. da. **Caracterização morfológica, agrônômica e fenológica de cultivares de feijão (Phaseolus vulgaris L.) comumente plantada em diversas regiões do Brasil**. Goiânia: Embrapa-CNPAF, 1981. 51p. (Embrapa-CNPAF. Circular técnica, 15).

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.1, p.22-27, 2005.

VEIGA, R.F.A.; SOUZA FILHO, A.S.; BANZATTO, N.V. **Descritores mínimos para caracterização e avaliação de mamoneira (Ricinus communis L.) aplicados no Instituto Agrônômico**. Campinas: IAC, 1989. 16p.

VIEIRA, E.A.; FIALHO, J.F.; FALEIRO, F.G.; FUKUDA, W.M.G.; JUNQUEIRA, N.T.V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande, MG. **Anais...** Campo Grande, 2005. CD-ROM.

ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COIMBRA, G.K. Utilização de descritores morfo-agronômicos na quantificação da divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa. **Revista RAT-Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v.3, 2007. Disponível em: <<http://www.cerat.unesp.br/revistarat/volume3/artigos/48%20Gisele%20cristina%20zuim.pdf>>. Acesso em: 25 nov. 2008.

### ARTIGO 3

## CORRELAÇÕES EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DA MAMONEIRA

(Preparado de acordo com as normas da Revista Ciência e Agrotecnologia)

### RESUMO

Um dos grandes desafios atuais da pesquisa agrícola é a produção de cultivares melhorada de mamoneira, com estabilidade genética, alta qualidade e potencial produtivo. O objetivo do presente trabalho foi estimar as correlações genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres de mamona, para facilitar a caracterização dos acessos. Foram avaliados em Lavras, MG, no delineamento de blocos casualizados com três repetições, quinze acessos de mamona. Os caracteres avaliados foram altura da planta, altura do caule, número de internódios, diâmetro do caule, número de cachos, estande final e peso de 100 sementes. Observou-se que houve correlação fenotípica positiva do número de internódios e altura do caule, altura do caule e altura da planta, altura da planta e diâmetro do caule e por fim entre diâmetro do caule e peso de 100 sementes. Houve também correlação ambiental positiva entre as correlações altura de caule e altura de planta, altura de planta e diâmetro do caule, altura da planta e estande final e diâmetro do caule e número de cachos, concluindo que as correlações estimadas possibilitaram conhecer as associações entre os caracteres, fornecendo importantes informações para o estabelecimento de um plano de melhoramento genético da mamona a partir dos acessos avaliados.

**Termos para indexação:** *Ricinus communis* L.; correlações, caracteres.

## CORRELATIONS MORPHAGRONOMIC CASTOR BEAN VARIABLES

### ABSTRACT

One of the great current challenges of agricultural research is the production of improved castor cultivars, with genetic stability, high quality and high yielding potential. The objective this work was to estimate genotypic, phenotypic and environmental correlations among traits of the castor plant to make the characterization of the accessions easy. . They were evaluated in Lavras, MG, Brazil, in a randomized block design with three replicates, fifteen castor bean accessions. The traits evaluated were: plant height, stem height, number of nodes, stem diameter, final number of clusters, stand and 100-seed weight. It was observed that there was a positive phenotypic correlation of the node number and stem height, stem height and plant height, plant height and stem diameter and at last between stem diameter and 100-seed weight. There was also a positive environmental correlation among the correlations stem height and plant height, plant height and stem diameter, plant height and final stand and stem diameter and number of clusters, concluding that the estimated correlations make it possible to know the associations among the traits, giving important information to the establishment of a genetic improvement plan of castor bean from the accessions evaluated.

**Index terms:** *Ricinus communis* L; correlation, characters

## 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 ou na agricultura, além de apresentar perspectivas de uso como fonte energética sob a forma de biodiesel (Costa et al., 2006).

A atividade de melhoramento de plantas e desenvolvimento de cultivares, conduzida no Brasil durante as últimas décadas, comprovadamente contribuiu para o crescimento da agricultura nacional. De acordo com Falconer (1987), a variabilidade genética de uma população segregante, necessária nos processos seletivos, é resultante da divergência genética entre os parentais envolvidos nos cruzamentos.

No caso da mamona, há uma variabilidade muito grande, segundo Azevedo et al. (1997), especificamente quanto ao porte; à coloração e tamanho da folhagem e do caule; ao formato, tamanho, peso e coloração da semente; a cor e ao conteúdo de óleo; e a tolerância a pragas e doenças e a estresse ambiental. Nesse contexto, a caracterização e avaliação são consideradas essenciais tanto para estabelecer diferenças ou semelhanças entre acessos de germoplasma, como para estimular sua utilização para resgatar o desenvolvimento das culturas. Esta variabilidade observada em características botânicas e agronômicas deve ser conhecida e conservada porque pode se tornar fonte importante de genes para os programas de melhoramento.

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 progênie (Samal & Jagadev, 1996; Pandey & Dobhal, 1997; Carvalho et al., 2003).

O estudo e a análise da diversidade genética destinam-se à identificação de genitores que, quando cruzados, proporcionem, em suas gerações segregantes, o aparecimento de transgressivos e a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico (Cruz et al., 1994).

Segundo Ferreira et al. (2003), geralmente, os programas de melhoramento têm por finalidade obter cultivares aprimoradas para um conjunto de caracteres. Por isso, o conhecimento da natureza e magnitude das correlações entre os caracteres de interesse é de fundamental importância. As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente. A correlação fenotípica é estimada diretamente de medidas fenotípicas, sendo resultante, portanto, de causas genéticas e ambientais. Apenas a correlação genotípica, que corresponde à porção genética da correlação fenotípica, é empregada para orientar programas de melhoramento, por ser a única de natureza herdável.

Com isso, o objetivo desse trabalho foi distinguir os acessos dissimilares e estimar as correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférico. O clima da região é temperado suave (mesotérmico), tipo Cwb. “A região está localizada a uma altitude de 913 metros, 21°14'06” latitude S e 45° 00' 00” longitude O, tem precipitação média anual de 1493,2 mm ocorrendo maior concentração entre os meses de novembro e fevereiro, com temperatura média anual é 19,3 °C e umidade relativa do ar é 80% (Castro Neto & Silveira, 1981).

As sementes de cada acesso de mamona utilizadas foram obtidas de várias localidades de Minas Gerais, em que, cada acesso continha apenas sementes da mesma localidade, sendo utilizados quinze acessos.

O plantio foi realizado por mudas pré-estabelecidas, ou seja, sementes foram semeadas em bandejas com areia até a protusão da radícula (aproximadamente 5 dias) em casa de vegetação e depois transplantadas, por mais 20 dias, para recipientes com o substrato colocado no interior de viveiro com sombrite 50% de luminosidade. Utilizou-se tubetes com capacidade de 55 cm<sup>3</sup>, e como substrato foi usado o Plantmax-café<sup>®</sup>, que possui 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 à 65 °C [%] – 67,22; Condutividade elétrica [µS] – 3,33.

Antes de se realizar o plantio, a área foi gradeada e depois sulcada, com espaçamento de 1,00 m entre plantas e entrelinhas. Posteriormente realizou adubação com NPK, na proporção de 8:28:16 (300 kg/ha). O plantio foi realizado em meados de fevereiro de 2008, onde as mudas prontas foram levadas para campo.

O delineamento estatístico foi de blocos casualizados, consistindo-se de três blocos, sendo cada bloco constituído de 25 plantas por linha, perfazendo uma parcela, de um mesmo acesso sorteado ao acaso. As plantas foram espaçadas entre si e nas entrelinhas em 1m. Foi utilizada bordadura com a cultivar Mirante 10. Foram coletados dados de sete variáveis quantitativas: a) Altura da planta (AP) – média das alturas das plantas da parcela em m; b) altura do caule (AC) – altura média do caule acima do solo, até o primeiro racemo 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 cacho (NC) – média dos

números de cacho por planta da parcela; f) peso de 100 sementes (PS); g) estande final (EF) – número de plantas ao final do ciclo.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e suas médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica ( $rG$ ), fenotípica ( $rF$ ) e de ambiente ( $rE$ ) foram obtidas mediante análises de covariâncias, combinando os dados das sete caracteres em todas as formas possíveis (Cruz & Regazzi, 1994). As análises estatísticas foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2007).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com a análise de variância, houve diferença significativa para todos os caracteres, exceto para estande final (EF). Na Tabela 1, pode-se observar que as médias somente não diferem significativamente para o estande final, indicando a existência de divergência genética entre as cultivares. O coeficiente de variação foi satisfatório em todos os caracteres, sugerindo eficiente controle do efeito de ambiente e, conseqüentemente, maior confiabilidade nos dados. Esses resultados assemelham-se com Bahia et al. (2008), em que avaliando a divergência genética entre 5 cultivares de mamona, verificaram diferença significativa para a maioria dos caracteres, à exceção do estande final (EST), necessitando também avaliar as médias separadamente pelo teste de Scott-Knott.

Em relação à mesma tabela, pode-se observar a formação de pelo menos dois grupos pelo teste de Scott-Knott em quase todos os caracteres avaliados. Observa-se ainda a formação de 3 grupos quanto ao carácter DC, 4 grupos ao carácter NI e 15 grupos quanto ao carácter PS.

A diversidade fenotípica foi constatada entre os genótipos sendo inclusive, facilmente visualizada nas características agronômicas utilizadas neste trabalho.

**TABELA 1.** Médias das características agronômicas de quinze acessos de mamoneira avaliadas em Lavras, MG <sup>(1)</sup>, 2009.

Carac. Agron.	AP (m)	AC (m)	DC (cm)	NI	NC	PS (g)	EF
Acessos							
1	0,90b	0,68b	1,83c	14,00c	1,73b	33,07o	18,00a
2	1,53a	1,04b	3,10b	16,00b	4,67a	38,30n	18,33a
3	1,90a	0,86b	3,23b	15,33b	4,13a	57,30b	17,33a
4	1,90a	0,95b	3,60a	16,00b	3,13b	43,40m	16,33a
5	1,56a	1,00b	3,77a	14,33c	3,27b	45,90i	12,67a
6	1,77a	0,97b	3,77a	14,33c	2,60b	49,10h	12,67a
7	1,80a	0,99b	3,87a	16,00b	3,40b	52,90c	18,33a
8	1,73a	0,91b	3,77a	14,00c	3,20b	52,60d	15,33a
9	1,90a	0,90b	3,87a	16,33b	3,67b	45,50j	16,33a
10	2,30a	1,41a	3,73a	15,00b	4,40a	51,90e	19,33a
11	2,00a	1,37a	2,97b	19,00a	3,00b	43,80l	18,67a
12	1,93a	0,85b	3,53a	15,33b	4,07a	57,90a	16,33a
13	1,60a	0,63b	3,17b	12,00d	5,80a	50,20f	17,33a
14	1,90a	0,92b	3,90a	15,33b	4,60a	44,90k	17,67a
15	2,03a	1,27a	3,57a	15,33b	4,33a	50,10g	20,33a
CV (%)	11,87	17,66	7,6	4,7	12,24	0,03	15,82

<sup>(1)</sup> AP: Altura de plantas; AC: Altura do caule; DC: Diâmetro do caule; NI: Número de internódios por planta; NC: Número de cachos por planta; PS: Peso de 100 sementes; EF: Estande final; médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Os acessos 10, 11 e 15, alcançaram os melhores desempenhos em quase todos os componentes de produção: Altura das plantas, altura do caule, diâmetro do caule e número de cachos. Para número de internódios o acesso 11

apresentou o melhor desempenho e para peso de 100 sementes, o acesso 12 foi melhor isoladamente.

De modo geral, quando o número de progênies é relativamente grande e o interesse é avaliar a divergência genética entre as mesmas no espaço global, a utilização da dispersão gráfica, juntamente com o método de agrupamento, considerando os dados originais, apresenta-se de grande importância no estudo de relacionamento entre as progênies (Xavier, 1996).

Em relação aos coeficientes ( $rG$ ) e ( $rF$ ), foi verificada uma grande similaridade entre os pares de caracteres, em relação aos sinais, a magnitude e o nível de significância, com exceção apenas das correlações entre NI e AC, com  $rG = 0,6418^{NS}$  e  $rF = 0,6026^*$ ; AC e AP, com  $rG = 0,7389^{NS}$  e  $rF = 0,7162^{**}$ ; AP e DC, com  $rG = 0,7567^{NS}$  e  $rF = 0,7252^{**}$  e por fim a correlação DC e PS, com  $rG = 0,6023^{NS}$  e  $rF = 0,5787^*$  (Tabela 2).

Em 76,19% dos pares de caracteres, as correlações genotípicas foram superiores às correlações fenotípicas, assim como estas duas, em 80,95% dos casos foram superiores às correlações de ambiente. Verificou-se também que nas 21 combinações possíveis entre os sete caracteres, em apenas quatro a correlação ambiental foi superior à genotípica. A correlação de ambiente, para a maioria dos pares de caracteres, foi reduzida, ou seja, menor que 0,5, constatando-se que houve maior contribuição dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais nas correlações entre os caracteres. Esses resultados estão de acordo com Ferreira et al. (2003), que trabalhando com correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia, verificaram que em 95,5% dos pares de caracteres, as correlações genotípicas foram iguais ou superiores às correlações fenotípicas, assim como estas duas, em 82,2% dos casos foram superiores às correlações de ambiente. Verificou-se também que nas 45 combinações possíveis entre os dez caracteres, em apenas oito a correlação ambiental foi superior à genotípica.

**TABELA 2.** Coeficientes de correlação genotípica ( $rG$ ), fenotípica ( $rF$ ) e ambiental ( $rE$ ) entre sete caracteres avaliados de mamona. UFLA, Lavras, MG, 2009.

Caracteres	$r$	NI	AC	AP	DC	NC	EF	PS
NI	$G$	1	0,6418 <sup>NS</sup>	0,4774 <sup>NS</sup>	0,0776 <sup>NS</sup>	-0,2504 <sup>NS</sup>	0,4972 <sup>NS</sup>	-0,1338 <sup>NS</sup>
	$F$		0,6026*	0,4243 <sup>NS</sup>	0,0688 <sup>NS</sup>	-0,2255 <sup>NS</sup>	0,3120 <sup>NS</sup>	-0,1288 <sup>NS</sup>
	$E$		0,3871 <sup>NS</sup>	0,0788 <sup>NS</sup>	-0,0388 <sup>NS</sup>	-0,1575 <sup>NS</sup>	-0,1187 <sup>NS</sup>	-0,2436 <sup>NS</sup>
AC	$G$		1	0,7389 <sup>NS</sup>	0,3217 <sup>NS</sup>	0,0471 <sup>NS</sup>	0,5076 <sup>NS</sup>	0,0749 <sup>NS</sup>
	$F$			0,7162**	0,2792 <sup>NS</sup>	0,0113 <sup>NS</sup>	0,3578 <sup>NS</sup>	0,0675 <sup>NS</sup>
	$E$			0,6163*	0,0024 <sup>NS</sup>	-0,1036 <sup>NS</sup>	0,1207 <sup>NS</sup>	-0,1936 <sup>NS</sup>
AP	$G$			1	0,7567 <sup>NS</sup>	0,5358 <sup>NS</sup>	0,1213 <sup>NS</sup>	0,5369 <sup>NS</sup>
	$F$				0,7252**	0,4666 <sup>NS</sup>	0,1038 <sup>NS</sup>	0,4851 <sup>NS</sup>
	$E$				0,5757*	0,2589 <sup>NS</sup>	0,0884*	-0,1150 <sup>NS</sup>
DC	$G$				1	0,3270 <sup>NS</sup>	-0,4736 <sup>NS</sup>	0,6023 <sup>NS</sup>
	$F$					0,3322 <sup>NS</sup>	-0,2921 <sup>NS</sup>	0,5787*
	$E$					0,4549*	0,1342 <sup>NS</sup>	0,1967 <sup>NS</sup>
NC	$G$					1	0,5234 <sup>NS</sup>	0,4579 <sup>NS</sup>
	$F$						0,3447 <sup>NS</sup>	0,3843 <sup>NS</sup>
	$E$						0,0957 <sup>NS</sup>	0,0404 <sup>NS</sup>
EF	$G$						1	-0,1093 <sup>NS</sup>
	$F$							-0,0766 <sup>NS</sup>
	$E$							-0,0873 <sup>NS</sup>

Significativo ao nível de 1% de probabilidade (\*\*), 5% de probabilidade (\*) e não significativo no nível de 5% de probabilidade (NS), pelo teste de F.

++,+ : Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações.

NI = Número de internódios; AC = altura do caule (cm); AP = altura da planta (cm); DC = diâmetro do caule (cm); NC = número de cachos; EF = estande final; PS = peso de 100 sementes (g).

De acordo com a Tabela 2, para as correlações entre NI e AC, e DC e PS, a correlação fenotípica foi significativa ( $rF = 0,6026$ ;  $rE = 0,5787$ , respectivamente), mostrando-nos que houve uma correlação positiva entre esses caracteres, ou seja, quanto maior for o número de internódios numa planta, maior também será a altura do caule e quanto maior o diâmetro do caule, o peso de 100 sementes foi maior. Assim aconteceu basicamente a mesma coisa para as correlações entre AC e AP, e AP e DC, em que apresentaram uma grande correlação positiva diretamente proporcional ( $rF = 0,7162$  e  $rE = 0,6163$ ;  $rF = 0,7252$  e  $rE = 0,5757$ , respectivamente), além de um forte indício de interação do ambiente para essas correlações. Já para as correlações DC e NC, e AP e EF apenas a correlação de ambiente foi significativa ( $rE = 0,4549$ ,  $rE = 0,0884$ , respectivamente), mostrando que pode haver interação de ambiente para esses caracteres.

As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio da estimativa e do sinal dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e de ambiente. Estudos das associações entre caracteres fornecem informações importantes para o melhoramento genético, como a quantificação da porção de correlação fenotípica que é devida a causas genéticas e a mensuração de ganhos indiretos devido à seleção efetuada em caracteres correlacionados (Vencovsky & Barriga, 1992).

Neste trabalho, observamos que 100; 80,95 e 80,95% das estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, não foram significativas, mostrando-nos que apesar da baixa correlação entre os

caracteres, eles agem independentes. Resultados contrários foram observados por Nunes et al. (2008), em que verificaram que 61,90 e 66,66% das estimativas dos coeficientes de correlação genotípica e fenotípica foram significativas, enquanto que apenas 28,57% das estimativas para os coeficientes de correlação ambiental foram significativas.

Quando há correlação significativa entre dois caracteres, é possível obter ganho em um deles por meio da seleção indireta do outro. Isto é vantajoso, principalmente, quando um caráter de elevado valor econômico possui baixa herdabilidade e, ou, difícil avaliação, quando comparado a outro caráter que está associado a ele. Desta forma, a seleção é feita no caráter que apresenta alta herdabilidade e, ou, fácil avaliação, visando melhorar o outro (Nunes et al., 2008).

## **CONCLUSÕES**

As correlações estimadas possibilitaram conhecer as associações entre os caracteres, fornecendo importantes informações para o estabelecimento de um plano de melhoramento genético da mamona a partir dos acessos avaliados.

Há correlações fenotípicas positivas entre número de internódio e altura de caule, altura de caule e altura de plantas, altura de plantas e diâmetro do caule e diâmetro de caule e peso de 100 sementes.

Há correlações ambientais positivas entre altura do caule e altura da planta, altura da planta e diâmetro do caule, altura da planta e estande final e diâmetro do caule e número de cachos por planta.

## **AGRADECIMENTOS**

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao CNPq, FAPEMIG e FINEP, pelo apoio financeiro em projetos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AZEVEDO, D.M.P.; LIMA, E.F.; BATISTA, F.A.S. **Recomendações técnicas para o cultivo da mamoneira (*Ricinus communis* L.) no Nordeste do Brasil.** Campina Grande: MAARA/Embrapa-CNPA, 1997. 52p. (Circular técnico, 25).
- 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, mar. 2008.
- CARVALHO, L.P. de; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. dos. Análise da divergência genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.10, p.1149-1155, 2003.
- CASTRO NETO, P.; SILVEIRA, S.V. Precipitação provável para Lavras, região Sul de Minas Gerais, baseada na função de distribuição de probabilidade gama: I, período mensais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.5, n.2, p.144-151, jul./dez. 1981.
- 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, n.11, p.1617-1622, nov. 2006.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES versão windows**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2007. 642p.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética: I, fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.234, p.178-182, mar./abr. 1994.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279p.
- FERREIRA, M.A.J.F.; QUEIROZ, M.A.; BRAZ, L.T.; VENCOVSKY, R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.21, n.3, p.438-442, jul./set. 2003.

NUNES, G.H.S.; BARROS, A.K.A.; QUEIROZ, M.A.; SILVA, R.A.; LIMA, L.L. Correlações entre características de meloeiro. **Caatinga**, Mossoró, v.21, n.1, p.107-112, jan./mar. 2008.

PANDEY, G.; DOBHAL, V.K. Multivariate analysis in taro (*Colocasia esculenta* L.). **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.57, n.3, p.262-265, 1997.

SAMAL, K.M.; JAGADEV, P.N. Genetic divergence among chickpea cultivars. **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.56, n.1, p.86-88, 1996.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

XAVIER, A. **Aplicação de análise multivariada da diversidade genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996. 126f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.