

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE GANHOS COM SELEÇÃO EM *Jatropha curcas* L.

Robson Fernando Missio¹, Ricardo Galvão de Freitas², Marcos Deon Vilela de Resende³, Luiz Antônio dos Santos Dias⁴

Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres quantitativos e simular seleção de plantas superiores de *J. curcas*, por meio da metodologia REML/BLUP. Cinco populações foram avaliadas em delineamento inteiramente casualizado, com dez repetições. As estimativas de herdabilidade média de populações foram de 52,9%, 46% e 46,6% para altura de plantas (ALTP), diâmetro do caule (DCL) e altura de ramificações (ALTR), respectivamente. Com a seleção dos dez melhores indivíduos, os ganhos genéticos variaram de 8,7% a 6,6% para ALTP, de 83,0% a 27,3% para ALTR e de 7,2% a 4,7% para DCL. Menores ganhos genéticos foram observados com a seleção em nível de populações, para todos os caracteres avaliados. Estes resultados, embora preliminares, demonstraram a existência de variabilidade genética entre populações de pinhão manso para caracteres de crescimento e a grande possibilidade de ganhos genéticos com a seleção.

Introdução

J. curcas (Euphobiaceae), também conhecida como pinhão manso, espécie oleaginosa para cultivo tropical, vem se destacando economicamente pelo seu uso industrial e, principalmente, pelo seu elevado potencial para produção de biodiesel em todo mundo. Países como China e Índia possuem aproximadamente 2,0 e 0,6 milhões de hectares plantados, respectivamente (FAIRLESS, 2007). No Brasil, há expectativa de plantio em larga escala nas próximas décadas.

Trata-se de planta perene de porte arbustivo, relativamente rústica, de manejo simples, com alto teor de óleo (38%) para biodiesel nas sementes. Seu cultivo também permite o consórcio com espécies como o feijão, por exemplo, ou com outros cultivos energéticos (amendoim ou gergelin, por exemplo) ou com pecuária (gramíneas forrageiras) (DIAS *et al.*, 2008). Desse modo, a espécie reúne vantagens comparativas para a produção de biodiesel, as quais justificam o grande interesse mundial por esta oleaginosa.

Atualmente, existem diversos trabalhos de pesquisas com *J. curcas*. Entretanto, o grau de melhoramento desta espécie é ainda incipiente e causa preocupação aos pesquisadores. Existe ainda necessidade de maior conhecimento e pesquisas a respeito, por exemplo, da diversidade genética, centros de origem, sistema de cruzamento e fluxo gênico, agentes polinizadores e sistema de polinização, controle de pragas e doenças, manejo cultural e, principalmente, estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento, produção e teor de óleo. É ainda uma espécie silvestre se comparada a soja, girassol, algodão e milho. Até o presente, nenhuma variedade com características desejáveis para condições específicas de crescimento e sistema de produção está disponível, o que torna o seu plantio em larga escala um negócio de risco (JONGSCHAAP *et al.*, 2007). A baixa variabilidade genética e fenotípica detectada em acessos da África e Ásia (Basha & Sajutha, 2007; Sun *et al.*, 2008) mostra a necessidade de introdução de novas fontes de variação genética, oriundos da América Latina, para serem usados nos programas de melhoramento genético.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento e simular ganhos genéticos com a seleção individual e de populações de *J. curcas* do banco de germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (BAG/UFV).

Material e métodos

O BAG/UFV, contendo 10 populações, foi implantado em blocos casualizados com cinco repetições e parcelas de quatro plantas, em novembro de 2007, no Centro Experimental “Diogo Alves de Melo” da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. Para o presente trabalho, as avaliações foram realizadas no

¹ Primeiro autor é Pós-doutorando em Genética e Melhoramento, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, 36.570-000, Viçosa, MG. E-mail: rfmissio@yahoo.com.br

² Segundo autor é Mestrando em Fitotecnia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, 36.570-000, Viçosa, MG.

³ Terceiro autor é Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, Estrada da Ribeira, Km 111,83411-000, Colombo, PR.

⁴ Quarto autor é Professor de Agroenergia e Estatística, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, 36.570-000, Viçosa, MG.

Apoio financeiro: FAPEMIG, CNPq, CAPES, MAPA e UFV.

quinto mês de campo, em cinco das populações, tomando-se 10 plantas ao acaso por população, independentemente dos blocos. Desse modo, foi considerado o delineamento inteiramente casualizado, com dez repetições, para efeito de processamento das análises. As populações avaliadas foram: 1) Filomena; 2) Bento; 3) Oracília; 4) Paraguassú e 5) Gonçalo, todas coletadas pela NNE Minas Agro Florestal Ltda, em Janaúba, MG. Avaliaram-se as características altura da planta (ALTP), diâmetro da copa (DCP), altura de ramificação (ALTR), diâmetro do caule (DCL) e número de ramificações (NR). Altura da planta (cm) foi medida a partir do coleto até o ápice do ramo principal. O diâmetro do caule (cm) foi avaliado com paquímetro digital, a 5 cm do solo. A altura de ramificações (cm) foi medida a partir do coleto até a altura da primeira ramificação. O número de ramificações foi contado a partir do ramo principal, do primeiro engalhamento até o ápice. O diâmetro da copa (cm) foi medido, de uma extremidade a outra da planta, nos pontos opostos da circunferência da copa.

As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas com o software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2002), seguindo o modelo linear misto, aplicado a avaliação de populações ou procedências de polinização aberta.

Resultados e Discussão

O conhecimento dos parâmetros genéticos de determinada espécie constitui etapa fundamental de um programa de melhoramento genético. As estimativas de parâmetros genéticos e a média geral para os caracteres avaliados são apresentadas na Tabela 1. Os caracteres DCP e NR não apresentaram variação genética entre as populações. As estimativas de herdabilidade média de populações foram de 52,9%, 46% e 46,6% para ALTP, DCL e ALTR, respectivamente, com acurácias correspondentes de 72,8%, 67,8% e 68,3%, respectivamente. As estimativas de herdabilidade são de grande importância para estudos genéticos pois, por meio delas, é possível prever ganhos com a seleção e, principalmente, auxiliar na adoção das melhores estratégias de seleção para o programa. Em *J. curcas* são raros os estudos das estimativas de parâmetros genéticos, principalmente devido ao baixo grau de melhoramento desta espécie (KAUSHIK *et al.*, 2007). Elevadas estimativas de herdabilidade foram encontradas para peso de sementes (96%) e conteúdo de óleo (99%), em populações da Índia (KAUSHIK *et al.*, 2007).

As estimativas de ganhos esperados com a seleção predita individual e de populações são apresentadas nas Tabelas 2 e 3, respectivamente. Com uma intensidade de seleção individual de 20% (dez melhores indivíduos), os ganhos genéticos variaram de 8,7% a 6,6% para ALTP, de 83,0% a 27,3% para ALTR e de 7,2% a 4,7% para DCL. Os maiores ganhos genéticos individuais foram observados para ALTR, demonstrando o potencial destas populações para o melhoramento genético do pinhão manso. A seleção em nível de populações proporcionou menores ganhos genéticos para todos os caracteres avaliados (Tabela 3).

Uma das principais características de *J. curcas* é a possibilidade de multiplicação via propagação vegetativa (DIAS *et al.*, 2007). Esta característica é importante para o programa de melhoramento, pois com a seleção das melhores plantas e, posteriormente, multiplicação vegetativa delas, mantém-se a integridade do genótipo da planta mãe, podendo-se, rapidamente, obter um grande número de clones superiores.

Os resultados obtidos neste trabalho, embora preliminares, demonstram a existência de variabilidade genética entre as populações de *J. curcas* estudadas. Além disso, é um dos trabalhos pioneiros no estudo de parâmetros genéticos e foi de grande utilidade para a identificação de plantas superiores em caracteres de crescimento para futuro uso no desenvolvimento de novas variedades ou clones superiores de *J. curcas*.

Agradecimentos

A FAPEMIG, CNPq, CAPES, MAPA e UFV que têm apoiado fortemente os projetos de pesquisa do grupo.

Referências

- BASHA, S. D.; SUJATHA, M. Inter and intra-population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. *Euphytica*, v. 156, p. 375–386, 2007.
- DIAS, L. A. S.; LEME, L. P.; LAVIOLA, B. G.; PALLINI, A.; PEREIRA, O. L.; DIAS, D. C. F. S.; CARVALHO, M.; MANFIO, C. E.; SOUZA, L. C. A.; MARRA, A.; PRETTI, L. A. *Cultivo de pinhão manso (Jatropha curcas L.) para produção de óleo combustível*. UFV, Vicosa, 40p., 2007.
- DIAS L. A. S.; MULLER, M.; FREIRE, E. Potencial do uso de oleaginosas arbóreas em sistemas silvipastoris. In: FERNANDES, E. M.; PACIULLO, D. S. C.; CASTRO, C. R. T.; MULLER, M. D.; ARCURI, P. B.; CARNEIRO, J. C. (Org.). *Sistemas Agrossilvipastoris na América do Sul: desafios e potencialidades*. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, p. 283-314, 2008.

FAIRLESS, D. The little shrub that could - maybe. *Nature* 449: 652-655, 2007.

JONGSCHAAP, R. E. E.; CORRÉ, W. J.; BINDRABAN, P. S.; BRANDENBURG, W. A. *Claims and Facts on Jatropha curcas L.: Global Jatropha curcas evaluation, breeding and propagation programme*. Plant Research International B.V., Wageningen, the Netherlands, Report 158, 66 p., 2007.

KAUSHIK, N.; KUMAR, K.; KUMAR, S.; KAUSHIK, N.; ROY, S. Genetic variability and divergence studies in seed traits and oil content of *Jatropha (Jatropha curcas L.)* accessions. *Biomass and Bioenergy*, v. 3, p. 497-502, 2007.

RESENDE, M. D. V. *Software Selegen-Reml/Blup*. Embrapa Floresta, Colombo, 67p., 2002.

SUN, Q. B.; LI, L. F.; LI, Y.; WU, G. J.; GE, X. J. SSR and AFLP markers reveal low genetic diversity in the biofuel plant *Jatropha curcas* in China. *Crop Science*, v. 48, p. 1865-1871, 2008.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos em populações de *Jatropha curcas* L.

Parâmetros	ALTP (cm)	DCL (mm)	DCP (cm)	ALTR (cm)	NR
$\hat{\sigma}_g^2$	54,5626	4,8502	5,0773	2,0154	0,0028
$\hat{\sigma}_e^2$	278,7913	35,9052	583,4201	14,4512	1,5839
$\hat{\sigma}_f^2$	333,3539	40,7555	588,4974	16,4666	1,5867
h_g^2	0,164	0,119	0,009	0,122	0,002
h_{mp}^2	0,529	0,460	0,018	0,466	0,013
Acurácia	0,728	0,678	0,283	0,683	0,132
CV _g	5,44	3,82	1,58	18,15	3,07
Média (μ)	135,82	57,60	142,34	7,82	1,72

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre populações; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo; h_{mp}^2 : herdabilidade média de populações; ALTP: Altura de plantas; DCL: Diâmetro do Caule; DCP: Diâmetro da Copa; ALTR: Altura de ramificações; NR: Numero de ramificações.

Tabela 2. Ganho esperado com a seleção das dez melhores plantas de *Jatropha curcas* L., para os caracteres ALTP, ALTR e DCL.

Ordem	População	Planta	F	a	$\mu + a$	Ganho	Ganho (%)	Nova Média
ALTP								
1	5	4	173	11,90	147,72	11,90	8,76	147,72
2	5	3	172	11,66	147,48	11,78	8,68	147,60
3	3	2	163	11,58	147,40	11,71	8,62	147,53
4	3	5	155	9,66	145,48	11,20	8,25	147,02
5	3	3	152	8,95	144,77	10,75	7,91	146,57
6	5	1	157	8,08	143,90	10,30	7,59	146,12
7	3	9	146	7,51	143,33	9,91	7,29	145,73
8	3	4	144	7,03	142,85	9,55	7,03	145,37
9	3	7	144	7,03	142,85	9,27	6,82	145,09
10	3	8	144	7,03	142,85	9,04	6,66	144,86
ALTR								
1	1	2	30,1	6,50	14,32	6,50	83,04	14,32
2	1	8	14	2,83	10,65	4,66	59,59	12,48
3	1	9	13	2,60	10,42	3,97	50,80	11,80
4	1	1	12	2,37	10,19	3,57	45,68	11,40
5	1	10	9,5	1,80	9,62	3,22	41,15	11,04
6	1	7	9	1,69	9,51	2,96	37,89	10,79
7	1	4	6,1	1,03	8,85	2,69	34,35	10,51
8	1	6	6	1,00	8,83	2,48	31,66	10,30
9	1	5	5,2	0,82	8,64	2,29	29,31	10,12
10	1	3	4,9	0,75	8,58	2,14	27,34	9,96
DCL								
1	2	9	73,44	4,20	61,80	4,20	7,29	61,80
2	5	10	65,86	3,19	60,79	3,69	6,41	61,29
3	5	2	65,14	3,02	60,62	3,47	6,02	61,07
4	5	8	64,77	2,94	60,54	3,34	5,79	60,94
5	5	4	63,27	2,60	60,20	3,19	5,54	60,79
6	4	9	65,05	2,50	60,10	3,08	5,34	60,67
7	2	5	65,43	2,38	59,98	2,98	5,17	60,58
8	4	6	64,03	2,27	59,87	2,89	5,01	60,49
9	4	3	63,41	2,13	59,73	2,80	4,87	60,40
10	5	7	61,11	2,11	59,71	2,73	4,75	60,33

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético predito; $\mu + a$: valor genético predito; * Populações: 1) Filomena; 2) Bento; 3) Oracília; 4) Paraguassú e 5) Gonçalves.

Tabela 3. Ganho esperado com a seleção das populações de *Jatropha curcas* L. para os caracteres ALTP, ALTR e DCL.

Ordem	População	g	$\mu + g$	Ganho	Ganho (%)	Nova Média
ALTP						
1	3	6,67	142,49	6,67	4,91	142,49
2	5	3,96	139,78	5,31	3,91	141,13
3	2	1,84	137,66	4,16	3,06	139,98
4	4	-4,98	130,84	1,87	1,38	137,69
5	1	-7,49	128,33	0	0	135,82
ALTR						
1	1	1,84	9,66	1,84	23,55	9,66
2	4	0,02	7,84	0,93	11,91	8,75
3	5	-0,31	7,51	0,52	6,63	8,34
4	2	-0,67	7,15	0,22	2,84	8,04
5	3	-0,88	6,95	0	0	7,82
DCL						
1	5	1,70	59,30	1,70	2,95	59,30
2	4	1,05	58,65	1,37	2,38	58,97
3	2	0,78	58,38	1,18	2,04	58,77
4	1	-1,36	56,24	0,54	0,94	58,14
5	3	-2,17	55,43	0	0	57,60

g: efeito genotípico predito; $\mu + g$: valor genotípico predito.