

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA, DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E SELEÇÃO DE LINHAS SUPERIORES EM
MAMONEIRA

FRANCISCO VALDEVINO BEZERRA NETO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF
CAMPOS DOS GOYTACAZES - R J
AGOSTO – 2009

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA, DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E SELEÇÃO DE LINHAS SUPERIORES EM
MAMONEIRA

FRANCISCO VALDEVINO BEZERRA NETO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Orientador: Prof. **Nilton Rocha Leal**

CAMPOS DOS GOYTACAZES - R. J
AGOSTO – 2009

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCTA / UENF 103/2009

Bezerra Neto, Francisco Valdevino

Adaptabilidade e estabilidade fenotípica, divergência genética e seleção de linhas superiores em mamoneira / Francisco Valdevino Bezerra Neto. – 2009.

87 f.

Orientador: Nilton Rocha Leal

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Campos dos Goytacazes, RJ, 2009.

Bibliografia: f. 77 – 87.

1. *Ricinus communis* 2. Adaptabilidade fenotípica 3. Divergência genética 4. Linhas endogâmicas 5. Enteração genótipos x ambientes I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. II. Título.

CDD – 633.85

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA, DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E SELEÇÃO DE LINHAS SUPERIORES EM
MAMONEIRA

FRANCISCO VALDEVINO BEZERRA NETO

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Aprovada em 19 de agosto de 2009.

Comissão Examinadora:

Pesquisador Jair Felipe Garcia Pereira Ramalho - (DSc. em Agronomia) - UFRRJ

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D. em Melhoramento de Plantas) – UENF

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc. em Produção Vegetal) - UENF

Prof. Nilton Rocha Leal (Ph.D. em Melhoramento de Plantas) – UENF

Orientador

:

Aos meus pais, Celestino (Nico) e Maria do Carmo, pelo amor, respeito e
confiança depositados em mim em todos os momentos da minha vida;
Aos meus irmãos, Fábio, Patrícia e Sarah, pelo carinho e compreensão, e à
minha namorada Gildeide (Gi), pelo apoio, incentivo, amor e convivência ao longo
desta jornada .

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por ter me acompanhado durante toda a minha caminhada;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por tornar possível a concretização de um sonho;

À PESAGRO-RIO, por todo apoio;

Aos meus queridos pais, Celestino e Maria do Carmo, que durante todo o tempo me apoiaram;

À minha namorada Gi, pelo inestimável apoio e incentivo em todos os momentos;

Ao Professor Nilton Rocha Leal, meu orientador e amigo, pelos ensinamentos, pelo incentivo, pela amizade e pela confiança que me passou durante tantos anos;

Ao eterno mestre, Maurício Balestteiro, pelos valiosos ensinamentos e amizade;

Aos Professores Messias Gonzaga Pereira, Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Alexandre Pio Viana, pela atenção e sugestões que foram sempre brilhantes e esclarecedoras;

Ao pesquisador Luiz de Moraes Rêgo Filho, pela oportunidade em trabalhar com a cultura da mamona, pelo incentivo e sugestões;

Ao pesquisador Wander e todos os funcionários da PESAGRO-RIO que colaboraram na execução do trabalho sem medir esforços.

Aos meus avós, tios e primos, por tantos anos de convivência feliz;

Aos colegas de Laboratório, Ramon, Paulinha, Gustavo, Sivério, Keila, Marcelo Coró, Érica, Graziela, Willian, Claudia Pombo, pela cumplicidade e amizade;

Ao colega Leandro Simões, pela ajuda nas análises e estar sempre disposto a ajudar;

Aos colegas da UENF, pela amizade;

Ao amigo Ziraldo Moreno, pela imensa ajuda na condução dos experimentos;

Aos Professores das disciplinas que cursei;

Aos amigos da antiga república: Leandro Pinho, Eleodoro, Romano e Tayson;

Aos eternos amigos Rodolfo, “Filhão” (Rodrigo), “Pocrane” (Geminiano), “Robin” (Robson), “Book” (Carlos), “Brunin” (Bruno), “Ninguém” (Everton), Claudinei e “Zé B.” (Enderson);

À Graziela, pela imensa ajuda na avaliação dos experimentos.

Aos amigos da nova república: Hildefonso de Souza, Marcelo, Ronaldo (Sapo) e Paulo;

Aos novos amigos da EAFCOL: Leandro Bettero, Takeshi, Mayeli, Claudio, Thiago, Érica, Rejane, Beta, Antonieta, Patrícia, André, Sérgio, Rogério, enfim, todos os novos amigos que fiz nesta maravilhosa escola;

A todos que, em menor ou maior intensidade, contribuíram para a realização desse trabalho.

SUMÁRIO

| | |
|---|-----|
| RESUMO | vii |
| ABSTRACT | ix |
| 1. INTRODUÇÃO | 1 |
| 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA..... | 4 |
| 2.1. Considerações gerais | 4 |
| 2.2. Melhoramento da mamoneira..... | 6 |
| 2.2.1. Biologia da reprodução | 6 |
| 2.2.2. Métodos de melhoramento | 7 |
| 2.2.2.1. Seleção massal..... | 8 |
| 2.2.2.2. Seleção genealógica de progênies | 8 |
| 2.2.2.3. Seleção individual de plantas com teste de progênies..... | 9 |
| 2.2.2.4. Retrocruzamento..... | 10 |
| 2.2.2.5. Seleção Recorrente | 10 |
| 2.3. Divergência Genética | 11 |
| 2.4. Interação Genótipo Ambiente..... | 13 |
| 2.5. Estabilidade e adaptabilidade fenotípica | 14 |
| 2.6. Lin e Binns (1988) com decomposição de P_1 (Carneiro, 1998)..... | 15 |
| 2.7. Eberhart & Russel (1966) | 16 |
| 3. TRABALHOS | 17 |
| 3.1. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM MAMONEIRA ... | 17 |
| RESUMO | 17 |
| ABSTRACT | 18 |

| | |
|--|----|
| INTRODUÇÃO..... | 19 |
| MATERIAL E MÉTODOS..... | 20 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 26 |
| RESUMO E CONCLUSÕES..... | 34 |
| REFERÊNCIAS..... | 35 |
| 3.2. DESCRITORES QUANTITATIVOS NA ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA UTILIZANDO ANÁLISES MULTIVARIADAS..... | 38 |
| RESUMO..... | 38 |
| ABSTRACT..... | 39 |
| INTRODUÇÃO..... | 40 |
| MATERIAL E MÉTODOS..... | 41 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 43 |
| RESUMO E CONCLUSÕES..... | 48 |
| REFERÊNCIAS..... | 49 |
| 3.3. VARIABILIDADE E SELEÇÃO DE LINHAS ENDOGÂMICAS DE MAMONEIRA..... | 52 |
| RESUMO..... | 52 |
| ABSTRACT..... | 53 |
| INTRODUÇÃO..... | 53 |
| MATERIAL E MÉTODOS..... | 55 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 61 |
| RESUMO E CONCLUSÕES..... | 70 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 71 |
| RESUMO E CONCLUSÕES..... | 73 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 75 |

RESUMO

BEZERRA NETO, Francisco Valdevino; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Agosto de 2009; Adaptabilidade e estabilidade fenotípica, divergência genética e seleção de linhas superiores em mamoneira; Orientador: Prof. Nilton Rocha Leal. Conselheiro: Prof. Messias Gonzaga Pereira.

Embora a mamona tenha importância econômica para o País, o seu cultivo ainda é feito com sementes dos próprios produtores, apresentando alto grau de heterogeneidade. Em um país do tamanho do Brasil é indispensável um número relativamente grande de material melhorado para que se tenham genótipos adaptados a todas as regiões do país, garantindo alta produtividade e qualidade. Desta forma, visando implementar um programa de melhoramento para esta cultura nas condições do Estado do Rio de Janeiro, no presente trabalho teve-se por objetivo: estudar a interação genótipo por ambiente para produção de grãos em nove genótipos de mamoneira (IAC 80; AlGuarany; Paraguaçu; Nordestina; Savana; Lyra; Mirante; IAC 226; Cafelista), no Estado do Rio de Janeiro, e avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica; estudar a diversidade genética entre os genótipos em estudo; acessar o grau de variabilidade no genótipo que apresentou melhor adaptabilidade e estabilidade e selecionar linhas superiores para serem recombinadas. Para avaliar a interação genótipo por ambiente, foram montados oito experimentos nas unidades experimentais da PESAGRO-RIO, sendo quatro em Campos dos Goytacazes, três em Itaocara e um em Avelar, considerando cada época de plantio como ambiente. Para estudar a adaptabilidade e

estabilidade utilizou-se as seguintes metodologias: Lin e Binns (1988); Cruz et al. (1989) e Eherhart e Russel (1966). A análise de variância revelou diferença significativa para as fontes de variação, sendo posteriormente aplicado os métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade, onde os métodos de Cruz et al. (1989) e Eherhart e Russel (1966) indicaram todos os genótipos apresentando adaptabilidade ampla, e o de Lin e Binns (1988) revelou os genótipos mais adaptados e estáveis, como também os mais produtivos, sendo os genótipos Nordeste e Alguarany os que contiveram os menores P_i . Para conhecer a diversidade genética nos genótipos em estudo foi acrescentado dois genótipos (Nativa e Tito) e avaliou-se seis características quantitativas (altura de planta, comprimento total dos racemos, comprimento da região com frutificação do racemo, comprimento da região sem frutificação no racemo, número de frutos por racemo e produção total) no delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Houve elevada variabilidade genética entre os genótipos de mamona avaliados. Os genótipos Nordeste, IAC 80, Alguarany, Paraguaçu, Mirante e IAC 226 são promissores para o Norte e Noroeste Fluminense, com expectativa de supremacia nas hibridações entre Alguarany e Nordeste, Alguarany e IAC 80, e Nordeste com IAC 80. Por apresentar bons resultados na adaptabilidade e estabilidade e ser um genótipo de ciclo em média de 180 dias, autofecundou-se o genótipo Alguarany, obtendo 120 linhas autofecundadas, visando selecionar linhas superiores. Estas linhas foram avaliadas no delineamento experimental em blocos ao acaso com 3 repetições, e para selecionar as melhores linhas utilizou-se os índices de seleção Mulamba e Mock (1978) e Smith (1936) e Hazel (1943). Encontrou-se diferenças significativas para todas as características estudadas, na qual selecionou-se, pelo método de Mulamba e Mock (1978), que expressou os melhores resultados, as 30 melhores linhas que serão recombinadas para compor futuros ciclos de seleção.

ABSTRACT

BEZERRA NETO, Francisco Valdevino; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; August 2009; Phenotypic Adaptability and Stability, genetic divergence and selection of superior lines in castor bean plants; Advisor: Professor Nilton Rocha Leal. Co-Advisor: Professor Messias Gonzaga Pereira.

Although its economic importance to the country, the castor bean cultivation is still made with the farmer's seeds, showing a high degree of heterogeneity. In a such large country like Brazil, it is essential a big number of bred material to have genotypes adapted to all regions of the country, guaranteeing a high productivity and quality. Thus, with the goal of introducing a breeding program to this crop under conditions of the State of Rio de Janeiro, this work had the aims: to study the genotype by environment interaction to the production of grain in nine genotypes of castor bean plants (IAC 80, Alguarany; Paraguaçu; Nordestina; Savana; Lyra; Mirante; IAC 226; Cafelista), in the State of Rio de Janeiro, and to evaluate the phenotypic adaptability and stability; to study the genetic diversity among genotypes in the study; to access the degree of variability in the genotype that presented better adaptability and stability; and to select superior lines to be rematched. To evaluate the genotypic interaction for each environment, eight experiment were assembled in the experimental unities of PESAGRO – RIO, being four in Campos dos Goytacazes, three in Itaocara and one in Avelar, considering each plantation season as an environment. In order to study the

adaptability and stability it was used the following methodologies: Lin and Binns (1988); Cruz et al. (1989) and; Eherhart and Russel (1966). The variance analysis revealed a meaningful difference to the sources of variation, later the evaluation methods of adaptability and stability were applied, where, the methods of Cruz et al. (1989) and; Eherhart and Russel (1966) pointed all the genotypes showing a large adaptability, and Lin and Binns' method (1988) revealed the more adapted and stable genotypes and also the more productive ones, being the genotypes Nordeste and Alguarany the ones that had the smaller Pi. In order to know the genetic diversity in the genotypes in this study, it was added two genotypes (Nativa and Tito), and it was evaluated six quantitative characteristics (the plant height, total length of raceme, the length of the region with the raceme fruiting, length of the region without fruiting in the raceme number of fruits per raceme and the total production) in the delineation of blocks at random with four repetitions. There was an elevated genetic variability among the genotypes of the evaluated castor bean. The genotypes Nordeste, IAC 80, Alguarany, Paraguaçu, Mirante and IAC 226 are promising to the North and Northwest Fluminense, with expectation of supremacy in the hybridizations between Alguarany and Nordeste, Alguarany and IAC 80, and Nordeste with IAC 80. For presenting good results in the adaptability and stability and for being a genotype with a cycle about 180 days, it was S₁ the genotypes Alguarany, having 120 lines S₁, proposing to select superior lines. These lines were evaluated in the experimental delineation in blocks at random with three repetitions, and to select the best lines it was used the index of selection Mulamba and Mock (1978) and Smith (1936) and Hazel (1943). It was found meaningful differences to all the studied characteristics, which were selected, by the method of Mulamba and Mock (1978), the thirty (30) best lines that will be rematched to make future cycles of selection.

1. INTRODUÇÃO

A mamoneira é uma oleaginosa de alto valor social, econômico e constitui fonte de divisas para o país, sendo antigo o cultivo desta cultura no Brasil, visto ter sido introduzida pelos portugueses há alguns séculos e, desde o início do século passado, é uma das culturas importantes para os pequenos e médios produtores do País, tendo importante valor social como geradora de renda e empregos no campo (Beltrão, 2004).

Dos produtos obtidos da mamona, o óleo é o mais importante e principal objetivo para aqueles que a exploram comercialmente. Embora impróprio para consumo humano, a importância do óleo de mamona é evidenciada pelo seu amplo uso industrial. O óleo de mamona é utilizado para fins industriais, não mudando suas características com a variação da temperatura. Isto justifica seu emprego na indústria aeroespacial, como lubrificante de alta precisão e aditivo para os combustíveis, evitando o congelamento, devido às variações de temperaturas em grandes altitudes (Gonçalves et al., 2005).

O óleo de mamona tem larga aplicação na fabricação de tintas, vernizes, detergentes, inseticidas, nylon, resinas de plástico, lubrificantes, tubos especiais para irrigação, chapas e engrenagens, aditivos para combustíveis, bactericidas, fungicidas, produtos sintéticos, fluidos especiais para transmitir pressões hidráulicas, graxas para navio e aviões, espumas plásticas e pára-choques em automóveis, próteses humanas para coluna vertebral, crânio, mandíbula, dentes e mamas (Gonçalves et al., 2005; Peres et al., 2005).

No que relaciona à área agrícola, verifica-se que o aproveitamento da planta é total. Os resíduos vegetais podem ser aproveitados para a obtenção de

celulose, matéria orgânica e reciclagem de nutrientes (Azzini et al., 1980; Azzini et al., 1984). A casca do fruto tem, igualmente, o mesmo aproveitamento. A torta de mamona tem uso agrícola precioso tanto para provimento de matéria orgânica ao solo como de nutrientes às culturas, além do seu efeito nematicida, diminuindo o efeito poluente dos produtos químicos. Desintoxicada, a torta de mamona pode ser utilizada na alimentação de animais (Severino, 2005).

Até a metade da década de 80, o Brasil era o primeiro produtor mundial de mamona, mas uma série de fatores internos e externos provocou uma redução significativa na área plantada com a cultura (Pina et al., 2005), ficando o País como segundo produtor de mamona do mundo, quando sua produção média anual correspondeu a 23% da produção média mundial e a área cultivada média anual correspondeu a 24%. Na década de 90 estas médias caíram para 6% e 11%, respectivamente (Mendes, 2005).

O Brasil é atualmente o terceiro maior produtor de mamona e tem potencial para aumentar rapidamente sua participação nesse mercado, pois dispõe de áreas aptas e tecnologia de cultivo, além de experiência nesse cultivo que já teve grande importância para a economia nacional (Embrapa, 2006).

Com a crescente demanda de combustíveis de fontes renováveis, a mamona surge como alternativa potencial para a produção de óleos capazes de serem transformados em combustíveis para substituição parcial e/ou total aos de origem fóssil (Drumond et al., 2004).

A discussão sobre a inserção do biodiesel na matriz energética nacional tem se intensificado no Brasil, principalmente a partir do ano de 2003. Além da justificativa ambiental para a substituição do óleo diesel de fóssil, várias potenciais vantagens técnicas e socioeconômicas para essa alternativa energética têm sido estudadas recentemente (Almeida et al., 2004).

Para garantir retornos econômicos competitivos em relação a outras culturas, torna-se necessário o uso de tecnologias e o desenvolvimento de cultivares com características agrônômicas desejáveis, como maior produtividade de grãos e altura de plantas que facilite a colheita, tendo importância também a avaliação de características como ciclo das plantas, massa de 100 grãos e rendimento, visando obter maior homogeneidade do material (Amaral, 2003).

Embora a mamona seja de grande importância econômica para o país, o seu cultivo, na grande maioria dos casos, ainda é feito com sementes dos

próprios agricultores, acarretando, assim, um alto grau de heterogeneidade e grande diversidade de tipos locais. Este tipo de material apresenta uma série de desvantagens agronômicas como desuniformidade tanto para altura como para ciclo, deiscência natural e suscetibilidade a pragas e doenças (Krieger et al., 2006), tornando-se necessário identificar genótipos que melhor se adaptem as condições edafoclimáticas de cada região.

A PESAGRO-RIO, integrante do programa RIOBIODISEL, vem recentemente implantando um banco de germoplasma de espécies oleaginosas no Estado do Rio de Janeiro, onde as mesmas estão sendo avaliadas e caracterizadas, tendo como possibilidade também interferir favoravelmente na geração de emprego e renda e na produção de energia limpa e renovável.

Dentre estas oleaginosas que estão sendo avaliadas pela PESAGRO-RIO, encontra-se a mamona, com a qual foram instalados ensaios regionais de cultivares em diferentes épocas de plantio.

Nesse aspecto, no presente trabalho, objetivou-se estudar a adaptabilidade e estabilidade da cultura da mamona visando indicar as melhores cultivares para o Estado do Rio de Janeiro, estudar a diversidade genética entre os genótipos em estudo, acessar o grau de variabilidade existente na cultivar que apresentou melhor adaptação e selecionar linhas para serem recombinadas, visando implementar um programa de melhoramento para esta cultura nas condições edafoclimáticas desta região.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Considerações gerais

A mamoneira pertence à família das euforbiáceas, gênero *Ricinus*, monotípico, sendo a espécie *Ricinus communis* L. a única conhecida. Alguns autores consideram a existência de subespécies e formas, conforme os centros secundários de dispersão, com diferenciação na carúncula da semente, no porte e arquitetura da planta etc. Entretanto, os tipos existentes cruzaram-se entre si, produzindo híbridos férteis, diplóides, com $2n = 2x = 20$ (Savy Filho, 1999 b).

Alguns pesquisadores acreditam que a mamona tenha sido originária da África, mais precisamente da Etiópia. A origem desta planta é muito discutida, já que existem relatos, em épocas bastante longínquas, de seu cultivo na Ásia e na África. A diversificação de um grande número de variedades desta planta, encontradas tanto no continente africano, como no asiático, impossibilita qualquer tentativa de estabelecer uma procedência efetiva da mamona (Biodieselbr, 2006).

A mamoneira é uma planta de fácil adaptação a diversos ambientes e encontra-se espalhada por todo o território nacional, chegando a ser confundida como planta nativa do Brasil. Trata-se de excelente alternativa agrícola para cultivo em diversas regiões, destacando-se o semi-árido devido a sua considerável resistência à seca (Severino et al., 2005).

Com grande importância econômica, a mamona é uma oleaginosa com inúmeras aplicações na indústria. O seu principal produto é o óleo, extraído da semente com teor variando de 35 a 55 % (Beltrão, 2003), podendo ser utilizado como matéria prima em diversos segmentos industriais por conter ácido

ricinoleico em sua composição, que é considerado um ácido graxo de grande importância em muitos setores da indústria (Freire et al., 2006).

As plantas da espécie apresentam grande variabilidade de características, como: hábito de crescimento, cor das folhas e do caule, tamanho, teor de óleo das sementes, podendo-se encontrar tipos botânicos com porte baixo ou arbóreo, ciclo anual ou semiperene, com folhas e caule verde, vermelho ou rosa, com a presença ou não de cera no caule, com frutos inermes ou com espinhos, deiscentes ou indeiscentes, com sementes de diversos tamanhos e colorações e diferentes teores de óleo (Krug e Mendes, 1942 b).

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

A Bahia é o maior produtor nacional, com 92% da produção brasileira. Hoje o Brasil tem cerca de cinco milhões de hectares zoneados agroecologicamente para o cultivo dessa oleaginosa. Apenas na região Nordeste são cerca de 19 milhões de hectares agricultáveis para regime de sequeiro para todas as culturas, dos quais cerca de 4,5 milhões com aptidão para o cultivo da mamona em condições de sequeiro. O uso de sementes certificadas tem possibilitado uma produtividade de até 5,5 toneladas por hectare na Bahia (Embrapa, 2006).

O tamanho médio da lavoura de mamona pode ser estimado entre um e dez hectares/produtor, geralmente desenvolvido com mão-de-obra familiar, sendo que nessas condições, geralmente, a mamona é consorciada com culturas alimentícias, como feijão, milho, arroz, abóbora etc., espécies de ciclo curto, na procura por otimizar o uso da terra, obtendo-se receita de dois cultivos (Savy Filho, 2005).

As áreas de plantio de mamoneira no Brasil estão sendo ampliadas de forma rápida para atender à demanda por biodiesel, um mercado em expansão em todo o mundo e que tem potencial para trazer importantes benefícios para o país, tais como: geração de renda no meio rural, redução da emissão de gás

carbônico causador do efeito estufa, diminuição da poluição do ar nas cidades e fortalecimento da economia nacional pela economia de divisas com a importação de diesel (Embrapa, 2006).

2.2. Melhoramento da mamoneira

A pesquisa com a cultura da mamoneira no Brasil iniciou-se no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em 1936, onde foram delineadas as bases científicas para a implantação de um programa racional e econômico da mamoneira, através do Plano Geral dos Trabalhos em Execução nas Seções de Genética e Plantas Oleaginosas (Krug e Mendes, 1942a).

Até o presente três instituições trabalham no país com melhoramento genético e tem banco de germoplasmas, que são: Embrapa, IAC e EBDA (Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola). Hoje tem-se várias cultivares lançadas, possuidoras de frutos deiscetes ou semi-indeiscetes ou indeiscetes, tais como IAC 38, IAC 80, Campinas, Guarani, Sipeal 28, IAC 226, BRS 149 Nordestina, BRS 188 Paraguaçu e várias outras, inclusive obtidas via seleções locais, como a Preta, Baianita, Sangue de Boi, Canela de Juriti, Amarela de Irecê, entre outras (Beltrão, 2006a).

Basicamente, os seguintes elementos são utilizados para seleção em mamoneira: o porte da planta; o tipo de ramificação; o grau de deiscência dos frutos; o número de ráculos por planta; as porcentagens de flores femininas, de frutos chochos e de casca; o peso de cem sementes; o teor de óleo e a produtividade. Considera-se, ainda, o comportamento do material em seleção quanto à tolerância as principais pragas e doenças da mamoneira.

2.2.1. Biologia da reprodução

A mamoneira é considerada do tipo misto quanto ao sistema reprodutivo, ocorrendo tanto autofecundação como o cruzamento natural, com taxas de alogamia variando com seu porte. Em mamoneira de porte anão (até 1,5 m) ou médio (2,0m), a taxa de fecundação cruzada é de aproximadamente 25 %. Para as de porte alto (acima de 2,5 m), esta taxa atinge aproximadamente 40 %. Estes índices podem, também, ser afetados pelo tipo de ramificação, aberta ou fechada (Savy Filho, 1999a).

A inflorescência é constituída por um eixo, denominado ráquis, em torno do qual se dispõem cimas dicásicas, sendo as da parte superior femininas e as inferiores masculinas, caracterizando a planta como monóica. A proporção entre flores femininas e flores masculinas tem grande variabilidade: desde 60%:40% a 30%:70%. Esse caráter é um dos que devem ser objetivo de seleção, favorecendo o aumento da porcentagem de flores femininas, podendo, dessa forma, ser obtido aumento na produtividade de 30 a 40%, teoricamente (Savy Filho, 1999b).

O florescimento pode ser afetado por fatores externos, inclusive a expressão do sexo. O fotoperíodo influencia a proporção entre flores femininas e flores masculinas: dias longos (15 horas) favorecem a formação de flores femininas e dias curtos (9 horas) induzem o aparecimento de maior número de flores masculinas. Temperatura baixa no florescimento pode provocar aborto das flores femininas ou mesmo inviabilizar sua polinização. Temperaturas acima de 37°C também podem causar aborto. O cultivo em solos férteis e condições climáticas favoráveis proporciona aumento na porcentagem de flores femininas, ao passo que em solos com baixa fertilidade, em baixa pluviometria, aumenta o número de flores masculinas (Beltrão, 2006 b).

2.2.2. Métodos de melhoramento

De acordo com Freire et al. (2007), os principais objetivos do melhoramento da mamoneira atualmente são:

- aumento de produtividade, comum a todas as regiões produtoras, onde busca-se produtividades superiores as alcançadas pelas cultivares atualmente em distribuição;
- maior adaptação as condições do cerrado brasileiro em função de a mamona ser plantada na “safrinha”, geralmente após a colheita da soja;
- porte médio a alto para regiões semi-áridas, uma vez que apresentam sistema radicular mais profundo e desenvolvido e, assim, toleram mais os efeitos da seca; ou porte baixo e anão para regiões onde utilizam-se práticas de colheita mecânica e aplicação de defensivos agrícolas;
- grau de deiscência do fruto, sendo semi-deiscentes para áreas onde a colheita e beneficiamento são manuais e indeiscentes para colheita e/ou beneficiamento mecânico;

- aumento do teor de óleo nas sementes em relação ao teor encontrado atualmente nos cultivares em distribuição.

- resistência a doenças e pragas, algumas das quais comuns a todas as regiões produtoras;

Os métodos de melhoramento utilizados nessa cultura são seleção massal e seleção genealógica das linhagens (Savy Filho e Banzatto, 1993). Outros métodos também podem ser utilizados, conforme as características do germoplasma disponível e o objetivo do trabalho de melhoramento (Savy Filho, 1999 a).

2.2.2.1. Seleção massal

A seleção massal consiste na escolha das melhores plantas, em populações segregantes que apresentem características desejáveis. Plantas fenotipicamente superiores são colhidas e submetidas a ciclos de polinização controlada com seleção anual e mistura das mais promissoras. Os ciclos de polinização controlada e seleção massal se sucedem até a obtenção de uma população com características homogêneas e fixadas (Savy Filho, 1999a).

A mamoneira é uma planta monóica, o que possibilita a obtenção de plantas geneticamente puras através da polinização controlada (autofecundação). Desse modo, o controle parental é mais rígido e conseguem-se populações de plantas com pureza genética, sendo mantida a variabilidade individual, sem que ocorra perda de vigor (Savy Filho e Banzatto, 1993).

A eficiência da seleção massal é dependente da herdabilidade do caráter no ambiente em que é realizada, necessitando de procedimentos que aumentem as diferenças entre os genótipos, reduzindo a variação ambiental.

2.2.2.2. Seleção genealógica de progênies

A obtenção das progênies exige a intervenção do melhorista mediante hibridações intervarietais dirigidas entre progenitores com características conhecidas. Na geração F_2 são separadas, fenotipicamente, as melhores plantas que constituirão as progênies em geração F_3 , estas são submetidas a diversos ciclos de autofecundação, para uniformização das características e manutenção da pureza genética, constituindo, finalmente, linhagens homogêneas (gerações F_6

e F₇) quando as mais promissoras são experimentadas regionalmente em ensaios de competição (Savy Filho e Banzatto, 1993).

O método genealógico de seleção de progênies foi utilizado para obter a cultivar IAC-226 (TARABAY) (Savy Filho et al., 1990). Após o cruzamento inicial entre uma linhagem denominada Pindorama e a cultivar Campinas, utilizou-se este método de seleção, cuja pureza genética foi mantida por meio de sucessivas autofecundações, obtendo-se, após 8-10 gerações, linhagens geneticamente estáveis e uniformes, na qual a linhagem S 80-226 despontou como material com grande potencial de produtividade, e lançado como IAC-226.

2.2.2.3. Seleção individual de plantas com teste de progênies

O método de seleção individual de plantas com teste de progênies é usado em programas de melhoramento de plantas autógamas, e tem como fundamento o princípio genético que uma planta pode ser avaliada com o estudo posterior de sua descendência. O objetivo é isolar linhagens superiores a partir de uma cultivar ou qualquer população que apresente variabilidade genética. Na primeira fase do método são selecionadas plantas de uma população que apresente características desejáveis e, dessas plantas, são coletadas suas progênies. Na segunda fase as progênies são cultivadas em linhas, garantindo a autofecundação com a proteção das inflorescências, para que possam manter suas características (Allard, 1971; Borém e Miranda, 2009).

No caso da mamoneira, a distribuição no campo pode ser ao acaso, com ou sem repetições, com uma testemunha a cada 10 progênies. As progênies são avaliadas e aquelas que apresentarem resultados superiores são novamente cultivadas de acordo com o método. Com o passar dos anos sobrarão uma ou poucas linhas de progênies, que serão testadas e constituirão novas cultivares (Savy Filho, 1999 a).

Banzatto et al. (1963), trabalhando com mamona, transferiram o caráter indeiscência de fruto, característico da cultivar Cimarron, para a cultivar IAC-38, utilizando seleções isoladas dentro da cultivar IAC-38. Utilizaram o método de hibridações com posterior avaliação das progênies, dando origem a linhagens. A melhor linhagem resultou na cultivar Campinas.

Em trabalho conduzido por Banzatto et al. (1977), rigorosa seleção de plantas individuais foi utilizada, após sucessivas gerações de autofecundação, para produtividade, porte médio, frutos indeiscentes e resistência a doenças, na obtenção da cultivar Guarani a partir do cruzamento artificial entre as cultivares Campinas e Preta.

Outra cultivar de mamona desenvolvida pelo método de seleção de plantas individuais com teste de progênies é a BRS-149 (Nordestina), sendo a seleção realizada a partir da cultivar local de mamona “Baianita” (Silva et al., 1998).

2.2.2.4. Retrocruzamento

O método de retrocruzamento consiste na transferência de um ou mais genes favoráveis de uma linhagem doadora que, em geral, tem propriedades agronômicas inferiores, para uma linhagem elite do programa de melhoramento.

O retrocruzamento tem sido reconhecido como um importante método de melhoramento, utilizado para a obtenção de materiais genéticos superiores, obtidos pela transferência de um ou poucos genes, de uma fonte não-recorrente.

Para realizar um eficiente programa de retrocruzamentos, o melhorista deve utilizar um genitor recorrente superior, com expectativa de longa vida útil, uma vez que o produto final deste método é um genótipo com as mesmas características do genitor recorrente, exceto a característica em transferência (Borém e Miranda, 2009).

2.2.2.5. Seleção Recorrente

A seleção recorrente é um processo cíclico de seleção de genótipos de uma população, seguida da recombinação destes para formar uma nova população. Esta população pode ser utilizada para início de um novo ciclo de seleção e, assim sucessivamente, sendo, portanto, um processo dinâmico e contínuo. Desse modo, a partir de uma população original (ciclo 0), obtém-se as populações de Ciclos 1, 2, ... n. Evidentemente, o limite seletivo (Ciclo n) é imposto pelo esgotamento da variabilidade genética (Geraldini, 2005).

Este método de melhoramento foi utilizado por Zanotto et al. (2004), com o objetivo de obter uma população de plantas de mamona (*Ricinus communis* L.) com porte adequado para colheita mecanizada. Foram realizados três ciclos de seleção recorrente com a utilização de progênies autofecundadas para redução

da altura das plantas na população Guarani comum, nas condições edafoclimáticas do município de São Manuel - SP. Os ganhos genéticos médios por ciclos, obtidos pela análise de regressão, foram de 19,78 cm; 24,48 cm e 20,88 cm, respectivamente, para as condições de Araçatuba, Bauru e São Manuel, indicando que a população Guarani apresentou variabilidade genética para altura de plantas e atestaram a eficiência do método de seleção recorrente, com a utilização de progênies autofecundadas, na redução dos valores para esta característica.

2.2. Divergência Genética

No melhoramento genético, estudos sobre diversidade genética são de fundamental importância, uma vez que tratam das diferenças nas frequências alélicas das populações, tendo aplicação direta na escolha de progenitores, uma vez que a distância genética entre parentais é indicativo da expressão heterótica nas progênies (Falconer, 1981).

O conhecimento do grau de variabilidade genética, por meio dos estudos de divergência, torna-se vantajoso no processo de identificação de novas fontes de genes de interesse (Amaral Júnior e Thiébaud, 1999). Outra vantagem é o fato de que, por meio da diversidade genética, podem-se indicar progenitores geneticamente distantes para cruzamentos, onde se procure obter o efeito heterótico na geração híbrida e maior probabilidade de recuperação de segregantes superiores em gerações avançadas (Amaral Júnior e Thiébaud, 1999; Cruz et al., 2004).

Estudos da divergência genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações, pois sem a necessidade de cruzamentos, identificam genitores que, em futuros cruzamentos, possibilitarão maior efeito heterótico na progênie e maior variabilidade genética nas populações segregantes (Rao et al., 1981; Cruz et al., 2004).

De acordo com Shimoya et al. (2002), a avaliação da divergência genética é efetuada por diversos métodos que levam em consideração as características agronômicas, fisiológicas, genéticas e morfológicas. Isso fornece informações para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de produzirem genótipos superiores nas gerações segregantes. A escolha destes

métodos baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. (Amaral Júnior, 1994).

Para estimar a divergência genética, os melhoristas de plantas têm empregado rotineiramente técnicas multivariadas, sendo que as mais utilizadas são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições e, por último, os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Cruz et al., 2004), como, por exemplo, a distância euclidiana pode ser estimada tomando-se por base dados sem repetições, como é o caso de dados oriundos do banco ativo de germoplasma, tornando-se viável a sua aplicação (Carvalho et al., 2003).

Existem, na literatura, diversos exemplos do emprego de técnicas multivariadas na análise de divergência genética em culturas, dentre esses, podem ser citados os realizados com milho-pipoca (Miranda et al., 2003), algodão (Carvalho et al., 2003), cacau (Dias e Kageyama, 1997), feijão (Rodrigues et al., 2002), *Capsicum* (Sudré et al., 2005).

Costa et al. (2006), para avaliar a divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira, utilizaram a estatística multivariada, com base em variáveis canônicas e análise de agrupamento, tendo-se empregado a distância euclidiana média. Com os resultados, os autores observaram que existia reduzida variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Para melhor visualização dos resultados, o dendrograma é comumente utilizado para representação gráfica dos agrupamentos gerados a partir de métodos sequencial, aglomerativo, hierárquico e sem sobreposição. Nestes métodos, em cada passo do agrupamento há necessidade de recalculando o coeficiente de dissimilaridade (ou similaridade) entre os grupos estabelecidos e possíveis candidatos a futuras admissões no grupo. Além disso, reconsidera-se também o critério de admissão de novos membros aos grupos já estabelecidos (Sneath e Sokal, 1973). Considerando que os resultados dos agrupamentos sofrem acúmulo de erro a cada ciclo de inclusão de um indivíduo, isto se reflete na construção do dendrograma, conduzindo a interpretações distorcidas dos resultados obtidos (Meyer, 2002).

Alguns métodos estatísticos de análises, por exemplo, a análise de correlação cofenética (Sokal e Rohlf, 1962), associadas à análise de agrupamento, podem ser empregados para aumentar a confiabilidade das conclusões frente a interpretação dos dendrogramas. A correlação cofenética é uma análise que estabelece uma correlação entre a matriz de similaridade ou dissimilaridade com o dendrograma gerado através desta, ou seja, compara as reais distâncias obtidas entre os acessos com as distâncias representadas graficamente sujeitas ao acúmulo de erro supracitado.

2.4. Interação Genótipo Ambiente

A interação G x E é um componente da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado pelos genótipos, quando submetidos a mais de um ambiente.

A avaliação desta interação torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de o melhor genótipo em um ambiente não ser em outro, influenciando o ganho de seleção e dificultando a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (Cruz et al., 2004).

Para a adequada recomendação de genótipos, é necessário a avaliação dos mesmos em diferentes ambientes, que podem ser ano, local, época de semeadura, nível tecnológico, ou qualquer outro fator que não seja genético e que afete a expressão fenotípica. Por este procedimento, pode-se quantificar a interação dos genótipos nos ambientes e, com isso, indicar as variedades mais adequadas aos variados ecossistemas (Rossmann, 2001).

Ao se avaliar a interação, pode-se chegar a três situações (Ramalho et al., 1993): ausência de interação, interação simples e interação complexa. As duas primeiras não causam problemas para a seleção e a recomendação de cultivares aos agricultores, pois não altera a classificação das cultivares nos vários ambientes; porém, a terceira, por alterar o ordenamento das cultivares frente aos ambientes avaliados, dificultando sensivelmente esta seleção e recomendação.

Segundo Ramalho et al. (1993), considerando um número maior de ambientes e de cultivares, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de cultivares especificamente adaptados a ambientes particulares. Isso impede que a recomendação de cultivares possa ser feita de

maneira generalizada, sendo necessárias medidas que controlem ou minimizem os efeitos da interação para proceder recomendações mais seguras. A ocorrência de interação complexa entre as cultivares irá diminuir a eficiência dos programas de melhoramento, porque não garante a seleção dos melhores cultivares para cada ambiente particular.

Existem três modos de atenuar a interação genótipos x ambientes: a) identificar cultivares específicas para cada ambiente; b) realizar o zoneamento ecológico ou estratificação ambiental e c) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica.

Essa última opção é a que tem sido mais utilizada, por poder ser aplicada nas mais variadas situações, requerendo estudos sobre a performance genotípica, com base nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, pelos quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004).

2.5. Estabilidade e adaptabilidade fenotípica

Estudos a respeito da interação genótipo x ambiente, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2004).

As metodologias para as análises de estabilidade e adaptabilidade fenotípica destinam-se à avaliação de um grupo de genótipos testados em vários ambientes. Tais metodologias são fundamentadas na existência da interação genótipo com ambiente. Assim, esses procedimentos são complementares ao da análise de variância individual e conjunta, com dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes (Lavoranti, 2003).

A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, principalmente os relacionados com o número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Deve-se também considerar

que alguns métodos são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (Cruz et al., 2004).

Diversos métodos têm sido propostos para investigar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A diferença entre eles origina-se nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para medir a interação $G \times E$. Destacam-se os procedimentos baseados na variância da interação $G \times E$ (Shukla, 1972; Magari e Kang, 1997); regressão linear simples (Eberhart e Russell, 1966; Perkins e Jinks, 1968) e múltipla (Silva e Barreto, 1986; Cruz et al., 1989; Storck e Vencovsky, 1994); regressão quadrática (Brasil e Chaves, 1994); modelos não lineares (Chaves et al., 1989; Silva, 1998; Rosse e Vencovsky, 2000).

2.6. Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i (Carneiro, 1998)

Lin & Binns (1988) definiram, como medida para estimar a performance genotípica (parâmetro P_i), o quadrado médio da distância entre a média do cultivar e a resposta média máxima para todos os ambientes. Este método pondera os desvios de comportamento dos cultivares nos ambientes, ou seja, considera a estabilidade de comportamento. Além disso, leva em consideração o rendimento do genótipo e a resposta relativa a um genótipo hipotético, que é uma medida de adaptabilidade.

De acordo com a metodologia, o parâmetro de superioridade P_i quantifica o desvio do genótipo “i” em relação a produtividade máxima observada em cada um dos “j” ambientes, ou seja, quanto menor for o valor desse parâmetro mais estável é o genótipo, apresentando melhor desempenho no maior número de ambientes possíveis.

O parâmetro P_i é uma medida relativa a um cultivar hipotético de adaptabilidade geral, cujo coeficiente de regressão é igual ou próximo à unidade (Cruz e Carneiro, 2003).

Carneiro (1998) sugeriu modificações no método de Lin e Binns (1988), tornando esta metodologia com propriedades mais adequadas à avaliação do comportamento genotípico, decompondo a estatística P_i em ambientes favoráveis e desfavoráveis, sendo o parâmetro P_i denominado MAEC (medida de adaptabilidade e estabilidade de comportamento).

Muitos autores confirmam a facilidade de trabalhar com a estatística P_i , conseguindo recomendar materiais promissores para diferentes ambientes (Farias et al., 1997; Daros e Amaral Júnior., 2000; Ledo et al., 2005; Côrrea et al., 2006; Daher, et al., 2003).

2.7. Eberhart & Russel (1966)

O método proposto por Eberhart & Russel (1966) baseia-se numa análise de regressão linear simples, onde o índice ambiental (efeito do ambiente) é a variável independente e a produtividade média de cada genótipo em cada ambiente apresenta a variável dependente. Os parâmetros coeficiente de regressão (β_i) e a produtividade média estimam a adaptabilidade do genótipo; enquanto a variância dos desvios da regressão (σ_{di}^2) mede a sua estabilidade. Esses autores definiram como genótipo ideal aquele com produtividade média alta, β_i igual à unidade e σ_{di}^2 o menor possível.

Os genótipos com adaptabilidade geral possuem coeficientes de regressão próximos à unidade, específica à ambientes favoráveis maiores que um e para ambientes desfavoráveis menores que 1. Já a estabilidade é avaliada pela variância dos desvios da regressão linear, assim, os genótipos com alta previsibilidade apresentariam σ_{di}^2 igual a zero, e os que apresentem baixa previsibilidade σ_{di}^2 maior que zero (Cruz et al., 2004).

A metodologia proposta por Eberhart e Russel (1966) tem tido grande emprego entre os melhoristas. Verissimo et al. (2008), para avaliação de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de mamoneira em Santa Catarina, em três ambientes, utilizaram esta metodologia, onde conseguiram distinguir variedades mais produtivas para diversos ambientes.

3. TRABALHOS

3.1. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM MAMONEIRA

RESUMO

Objetivou-se, neste trabalho, quantificar a interação genótipos por ambiente para produção de grãos em nove genótipos de mamoneira e avaliar a adaptabilidade e a estabilidade. Oito experimentos foram instalados nos municípios de Campos dos Goytacazes, Itaocara e Avelar, sendo que cada experimento foi considerado como um ambiente, no qual foram instalados no delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições, sendo cada parcela formada por três linhas de sete metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de dois metros, e entre plantas de um metro, considerando como útil a linha central onde cinco plantas foram avaliadas. A análise de variância conjunta revelou diferença significativa para genótipos, ambientes e a interação entre ambos. Para análise de adaptabilidade e estabilidade foram utilizados os métodos de Lin e Binns (1988), Cruz et al. (1989) e Eherhart e Russel (1966). A adaptabilidade e estabilidade pelo método de Lin e Binns (1988) revelou os genótipos mais adaptados e

estáveis, e, também os mais produtivos, sendo que os genótipos Nordeste e Alguarany obtiveram os menores valores de P_i geral. Os métodos de Cruz et al. (1989) e Eherhart e Russel (1966) indicaram que todos os genótipos apresentam adaptabilidade ampla.

ABSTRACT

The objective of this work was to quantify genotype by environment interaction to the grain yield in nine genotypes of castor bean and the adaptability and stability. Eight experiments were assembled in Campos dos Goytacazes, Itaocara and Avelar Cities, and each plantation season was considered as an environment in which they were installed in a randomized block design with four replications, each plot consists of three rows of seven meters long, with spacing of two meters, and between plants of a meter, considering how useful the center line where five plants were evaluated. The analysis of variance revealed significant differences for genotypes, environments and interaction. To study the adaptability and stability it was used the following methodologies: Lin and Binns (1988); Cruz et al. (1989) and; Eherhart and Russel (1966). Adaptability and stability by the method of Lin and Binns (1988) revealed the more adapted and stable genotypes and also the more productive, being the genotypes Nordeste and Alguarany the ones that had the smaller P_i . The methods of Cruz et al. (1989) and Eherhart and Russell (1966) showing that all genotypes have wide adaptability.

INTRODUÇÃO

A busca de fontes alternativas de energia capazes de substituir o petróleo motivou o incremento da área plantada com mamona no país, a partir da criação do Programa Brasileiro de Desenvolvimento Tecnológico do Biodiesel (PROBIODIESEL). Este programa também pretende reduzir o nível de desemprego e aumentar a distribuição de renda no campo, determinando que 40% da produção de biodiesel tenha como matéria-prima a mamona, produzida com base na agricultura familiar (Almeida et al., 2004).

No Rio de Janeiro a cultura da mamona tem sido amplamente estimulada pelo programa Riobiodiesel, financiado pela FINEP/FAPERJ, que tem por objetivo estudar algumas oleaginosas cultivadas no Estado.

A planta de mamona apresenta grande variação no hábito de crescimento, cor de folhagem e caule, tamanho de sementes, conteúdo de óleo, coloração e porte, sendo seu fenótipo bastante dependente do ambiente (Beltrão e Azevedo, 2007)

A alteração no desempenho relativo dos genótipos, em virtude de diferenças de ambiente, denomina-se interação genótipo x ambiente (Borém e Miranda, 2009). A interação genótipo por ambiente é componente da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado pelos genótipos, quando submetidos a mais de um ambiente. Sua magnitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, inflacionando a variância genética e, por sua vez, parâmetros dependentes desta, como herdabilidade e ganho genético com a seleção (Rocha e Vello, 1999).

Os estudos sobre a interação genótipo x ambiente vêm sendo importantes no desenvolvimento de novas cultivares, abrangendo cereais, fruteiras, espécies florestais e olerícolas, dentre outras. No caso da mamona, são raros os estudos sobre a interação genótipo x ambiente, sendo que tal omissão tem contribuído para que sejam tomadas decisões pouco acertadas acerca da utilização de cultivares em ambientes específicos.

Entre as alternativas para minimizar esse problema está a escolha de variedades com ampla adaptação e boa estabilidade, tendo estas diferentes conceitos. A adaptabilidade se refere à capacidade do genótipo em responder vantajosamente à melhoria do ambiente e a estabilidade de comportamento é a capacidade de os genótipos apresentarem comportamento previsível em função das variações ambientais (Cruz et al., 2004).

Várias metodologias foram desenvolvidas para a avaliação de genótipos quanto à estabilidade fenotípica e adaptabilidade, podendo-se destacar: Finlay e Wilkenson (1963); Eberhart e Russell (1966); Tai (1971); Verma et al. (1978); Lin e Binns (1988); Cruz et al., (1989) e Huehn (1990).

O objetivo no presente trabalho foi avaliar a existência de interação entre genótipos e ambientes, bem como estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de nove genótipos de mamona em oito ambientes nas condições do Estado do Rio de Janeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

No presente trabalho, foram realizados oito experimentos em condições de campo, conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes, Itaocara e Avelar, em diferentes épocas de plantio, sendo cada época considerada como um ambiente.

O município de Campos dos Goytacazes localiza-se na região Norte do Estado do Rio de Janeiro. Está situada a 21º 45' de latitude sul e 41º 20' oeste de longitude, com altitude de 11 m. Nesta cidade foram implantados quatro experimentos, sendo que os plantios foram feitos nos dias 18/03/05 (A₁), 01/04/05 (A₂), 21/12/05 (A₃) e 01/02/06 (A₄). A precipitação média durante o ciclo da cultura foi de 642,60

mm, 584,30 mm, 310,00 mm e 391,5 mm, respectivamente. Foi também empregada irrigação por aspersão, sempre que o déficit hídrico assim o exigiu, aplicando-se uma lâmina de água de 20 milímetros por irrigação.

O campo experimental de Avelar da PESAGRO-RIO se situa a 22° 20' sul (latitude) e 43° 25' oeste (longitude), com uma altitude média de 575 m, na região do médio Paraíba Fluminense. O plantio foi realizado no dia 03/03/2005 (A₅) precipitação média durante o ciclo da cultura foi de 815 mm.

O município de Itaocara localiza-se na Região Noroeste do Rio de Janeiro. Situa-se a 21° 39' 12" de latitude sul e 42° 04' 36" W de longitude, com altitude de 60 m. Nesta cidade foram implantados três plantios, sendo os mesmos realizados nos dias 01/04/05 (A₆), 08/11/05 (A₇) e 09/12/05 (A₈). A precipitação média durante o ciclo da cultura foi de 257,00 mm, 867,00 mm e 838,00 mm, respectivamente, durante o ciclo da cultura. Sempre que o déficit hídrico assim o exigiu, foi empregada irrigação por aspersão aplicando-se uma lâmina de água de 20 milímetros por irrigação.

Os experimentos foram instalados no delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo cada parcela formada por três linhas de sete metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de dois metros, e entre plantas de um metro, considerando como útil a linha central onde cinco plantas foram avaliadas.

Em cada experimento foi avaliada a produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$), obtida por meio da pesagem dos frutos totais de cada parcela e descontado o peso da casca de nove genótipos de mamona introduzidos de outros estados brasileiros (Tabela 1).

Tabela 1 - Genótipos avaliados nos ensaios de competição com suas respectivas origens.

| Cultivares | Origem | Tipo | Ciclo | Teor de óleo |
|-----------------------|------------------|----------|---------|--------------|
| 1 - IAC 80 | IAC | Cultivar | Tardio | 47% |
| 2 - Al Guarany | CATI (SP) | Cultivar | Médio | 47-48% |
| 3- Paraguaçu BRS 188 | EMBRAPA | Cultivar | Tardio | 47,72% |
| 4- Nordestina BRS 149 | EMBRAPA | Cultivar | Tardio | 48,9% |
| 5 - Savana | Mirante Sementes | Híbrido | Precoce | 47% |
| 6 - Lyra | Mirante Sementes | Híbrido | Precoce | 47% |
| 7 - Mirante | Mirante Sementes | Cultivar | Médio | 47% |
| 8 - IAC 226 | IAC | Cultivar | Médio | 46% |
| 9 - Cafelista | CATI (SP) | Cultivar | Médio | 45% |

Após a obtenção dos dados, foram realizadas análises de variância de cada experimento, considerando-se fixo o efeito de tratamentos (genótipos), de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

y_{ij} : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco; e

ε_{ij} : erro experimental.

Em seguida realizou-se uma análise de variância conjunta para os ambientes que foram analisados, sendo considerado fixo o efeito de tratamentos (genótipos) e aleatório o de ambiente, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

y_{ijk} : observação do i-ésimo genótipo no k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

μ : média geral;

B/A_{jk} :efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

G_i :efeito do i-ésimo genótipo;

A_j : efeito do j-ésimo ambiente;

GA_{ij} :efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

ε_{ijk} : erro experimental.

Antes de proceder à análise de variância conjunta foi realizado o teste de homogeneidade das variâncias residuais, obedecendo ao critério de relação máxima igual a 7 para o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do erro (Pimentel-Gomes, 2000; Cruz et al., 2004).

Todas as análises de variância foram realizadas utilizando o procedimento de ANOVA do Programa Genes (Cruz, 2001).

Com os resultados, realizou-se a análise de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos utilizando-se as seguintes metodologias: Lin e Binns (1988); Cruz et al. (1989) e Eherhart e Russel (1966).

Para a metodologia não paramétrica de Lin e Binns (1988) a medida para estimar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos é fornecida pelo índice P_i , que representa o quadrado médio da distância entre a média do genótipo analisado e a resposta máxima obtida no ambiente em questão. Foi calculado pela equação:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

em que:

P_i = estimativa de estabilidade e adaptabilidade do genótipo i;

X_{ij} = produtividade do i-ésimo genótipo no j-ésimo local;

M_j = resposta máxima obtida entre todos os genótipos no j-ésimo local; e

n = número de locais.

A seguir, procedeu-se a decomposição de P_i para ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id}), bem como para a obtenção do desvio genético e devido à interação, conforme Carneiro (1998).

Os parâmetros P_{if} e P_{id} , para ambientes favoráveis e desfavoráveis foram estimado conforme a seguir:

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (X_{ij} - M_j)^2}{2f} \quad e \quad P_{id} = \frac{\sum_{j=1}^d (X_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

em que:

f : número de ambientes favoráveis;

d : número de ambientes desfavoráveis; e

X_{ij} e M_j : como definidos anteriormente.

O desvio genético e o desvio devido à interação foram obtidos, respectivamente, pelas expressões:

$$\frac{n(\bar{Y}_i - \bar{M})^2}{2n} \quad e \quad \sum_{j=1}^n \frac{(Y_{ij} - \bar{Y}_i - M_j + \bar{M})^2}{2n}$$

em que:

$$\bar{Y}_i = \frac{\sum_{j=1}^n Y_{ij}}{n} : \text{é a média do genótipo } i; \text{ e}$$

$$\bar{M} = \frac{\sum_{j=1}^n M_j}{n} : \text{é a média dos genótipos com resposta máxima.}$$

A metodologia descrita por Cruz et al. (1989) considera que o genótipo ideal apresenta alta produtividade, coeficiente de regressão nos ambientes desfavoráveis menor do que a unidade e maior nos favoráveis, além de desvio de regressão igual a zero. Este método tem como parâmetro de adaptabilidade a média (β_{0i}) e a resposta linear aos ambientes desfavoráveis (β_{1i}) e favoráveis ($\beta_{1i} + \beta_{2i}$) e, como parâmetro de estabilidade, os desvios de regressão σ_{δ}^2 , sendo R_i^2 medida auxiliar da previsibilidade da cultivar. Na análise, utiliza-se o seguinte modelo linear:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : é a produtividade da i-ésima cultivar no j-ésimo ambiente;

I_j : índice ambiental codificado, sendo $I_j = \frac{1}{g} \sum Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y$ para g cultivares

e a ambientes;

$T(I_j) = 0$ se $I_j < 0$; e

$T(I_j) = I_j - \bar{I}_+$ se $I_j > 0$, sendo \bar{I}_+ a média dos índices I_j positivos.

O método de Eherhart e Russel (1966) baseia-se na análise de regressão

linear simples, seguindo o modelo: $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i} I_j + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$ em que:

Y_{ij} : é a média geral da cultivar i no ambiente j ;

β_{0i} : equivale à média geral da cultivar i ;

β_{1i} : corresponde ao coeficiente de regressão linear, cuja estimativa representa a resposta da cultivar i à variação do ambiente j ; e

I_j : é o índice ambiental codificado;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: corresponde ao erro experimental médio.

Este método considera o coeficiente de regressão linear como uma medida de estabilidade fenotípica e propõe a variância do desvio da regressão como uma segunda medida. A adaptabilidade e a estabilidade fenotípica caracterizam-se por três parâmetros: rendimento médio, coeficiente de regressão e variância do desvio de regressão. O genótipo é estável se lhe corresponde coeficiente de regressão igual a um e variância do desvio da regressão zero e, como desejável, elevado rendimento médio.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 há as médias de produtividade dos genótipos nos diferentes ambientes. Pode-se notar a existência de variabilidade para a produtividade de grãos, com uma amplitude de $1,2861 \text{ t.ha}^{-1}$, haja vista os valores extremos de $0,3966 \text{ t.ha}^{-1}$ para o genótipo Savana, no ambiente A_2 e $1,6827 \text{ t.ha}^{-1}$ para o genótipo Mirante no ambiente A_8 .

Observa-se, também, na Tabela 1, a ocorrência de variação nas médias por ambiente, com valores oscilando de $0,7250 \text{ t.ha}^{-1}$ para o ambiente A_2 , a $1,3788 \text{ t.ha}^{-1}$ para o ambiente A_7 . Percebe-se, ainda, que houve variação nas médias nos genótipos, oscilando de $0,7650 \text{ t.ha}^{-1}$ para o genótipo Savana a $1,3309 \text{ t.ha}^{-1}$ para o genótipo Nordeste.

Para o ambiente A_1 , os genótipos IAC80, Algarany e Cafelista foram os que se destacaram, apresentando produções médias superiores à média do ambiente. No ambiente A_2 estes tres genótipos continuaram se destacando entre os melhores, tendo também os genótipos Paraguaçu e Mirante a produção acima da média neste ambiente.

Nos ambientes A_3 e A_4 os genótipos que mais se destacaram foram Nordeste e Algarany, apresentando as maiores médias nestes ambientes. O genótipo Nordeste também apresentou maior média no ambiente A_5 , seguido dos genótipos Paraguaçu, IAC80 e IAC226, repectivamente.

Observa-se também que a média geral foi de $0,9982 \text{ t.ha}^{-1}$ e que analisando-se todos os ambientes em conjunto os genótipos IAC80, Algarany, Paraguaçu e Nordeste apresentaram as maiores médias.

Tabela 1- Médias de produtividade, em t.ha⁻¹, de nove genótipos de mamona avaliados em oito ambientes no Estado do Rio de Janeiro, com seus respectivos valores por ambiente e genótipo.

| Genótipos | Ambientes ^{1/} | | | | | | | | Média |
|------------|-------------------------|--------|----------|----------|----------|---------|----------|----------|--------|
| | A1 | A2 | A3 | A4 | A5 | A6 | A7 | A8 | |
| IAC 80 | 1,6425 | 0,9150 | 1,4050 | 0,6041 | 1,0947 | 0,9950 | 1,1275 | 1,0307 | 1,1018 |
| Alguarany | 1,4450 | 0,8675 | 1,6350 | 1,1366 | 0,8410 | 0,8325 | 1,1285 | 1,3222 | 1,1386 |
| Paraguaçu | 0,9666 | 0,9233 | 1,2050 | 0,4593 | 1,1052 | 0,6750 | 1,6307 | 1,391 | 1,0445 |
| Nordestina | 0,9300 | 0,7133 | 1,6175 | 1,6775 | 1,4482 | 0,9025 | 0,7132 | 1,6445 | 1,3309 |
| Savana | 0,6533 | 0,3966 | 0,9600 | 0,6325 | 0,7215 | 0,5975 | 1,0207 | 1,1375 | 0,7650 |
| Lyra | 0,8166 | 0,4566 | 0,7575 | 0,3087 | 0,6337 | 0,5675 | 1,5715 | 1,2780 | 0,7988 |
| Mirante | 0,8333 | 0,7400 | 1,1200 | 0,7425 | 0,4160 | 0,4725 | 1,5119 | 1,6827 | 0,9409 |
| IAC 226 | 0,8625 | 0,5750 | 1,0465 | 0,4233 | 1,0157 | 0,6675 | 1,5810 | 1,3945 | 0,9458 |
| Cafelista | 1,1975 | 0,9375 | 0,6200 | 0,7862 | 0,7972 | 0,8700 | 1,1167 | 1,0215 | 0,9183 |
| Média | 1,0386 | 0,7250 | 1,1407 | 0,75233 | 0,8970 | 0,7311 | 1,3788 | 1,3225 | 0,9982 |
| CV | 38,15 | 50,58 | 31,61 | 51,01 | 29,45 | 28,92 | 11,23 | 14,12 | |
| QM (TRAT) | 0,4214* | 0,1717 | 0,4583** | 0,7160** | 0,3725** | 0,1236* | 0,2979** | 0,2276** | |
| QM (RES) | 0,1570 | 0,1345 | 0,1300 | 0,1472 | 0,0697 | 0,0448 | 0,0239 | 0,0348 | |

* = Significativo no nível de 5% de probabilidade; e ** = Significativo no nível de 1% de probabilidade.

Ainda na Tabela 1, verifica-se que os ambientes A_1 , A_3 , A_7 e A_8 apresentaram médias maiores do que a média geral, podendo ser considerados como favoráveis. Já os ambientes A_2 , A_4 , A_5 e A_6 podem ser considerados desfavoráveis, apresentando médias menores do que a média geral. Dos quatro ambientes considerados como favoráveis, três tiveram o plantio realizado no final do ano, denotando como uma época favorável para o plantio da mamona para a região em estudo.

Constatou-se, por meio da razão entre o maior e o menor quadrado médio residual dos ensaios individuais, valores não excedentes a razão 7:1, indicando que houve relativa homogeneidade das variâncias nos ambientes individuais, possibilitando a utilização de todos os ambientes na análise de variância conjunta, encontrando-se, na Tabela 2, os resultados da análise de variância conjunta dos ambientes para os acessos avaliados.

A análise de variância conjunta dos oito ambientes indicou a existência de efeitos significativos de genótipos, de ambientes e da interação entre ambos, o que evidencia comportamento diferenciado das cultivares em face das variações ambientais, justificando-se, assim, estudo mais detalhado dessa interação e recomendação.

Tabela 2 – Resumo da análise de variância conjunta da produtividade ($t \cdot ha^{-1}$) de grãos de nove genótipos de mamona em oito ambientes no Estado do Rio de Janeiro.

| F.V. | G.L. | S.Q. | Q.M. | F |
|-----------|------|---------|--------|----------|
| Bloco/Amb | 24 | 6,0671 | 0,2528 | |
| Genótipo | 8 | 7,9943 | 0,9992 | 3,9077** |
| Amb. | 7 | 17,5930 | 2,5132 | 9,9418** |
| G x A | 56 | 14,3202 | 0,2557 | 2,7555** |
| Resíduo | 192 | 17,8177 | 0,0928 | |
| Total | 287 | 63,7925 | | |

** significativo no nível de 1% de probabilidade.

Análise das estimativas de estabilidade e adaptabilidade

Metodologia proposta por Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i

A metodologia de Lin & Binns (1988) estima o índice de estabilidade P_i , que é o desvio da cultivar i em relação ao genótipo de desempenho máximo em cada ambiente; logo, quanto menor o valor de P_i , mais adaptado será o material.

A avaliação do comportamento dos acessos fundamentada em Lin & Binns (1988), as estimativas de média de produção de grãos ($t.ha^{-1}$), do parâmetro de estabilidade (P_i), bem como a decomposição do parâmetro P_i em suas partes por causa do desvio genético e da interação, além da contribuição para a interação de nove genótipos de mamona avaliados nos oito ambientes, são apresentados na Tabela 3.

As estimativas do parâmetro P_i variaram amplamente desde 0,0355 para o genótipo Nordeste até 0,2848 para o genótipo Lyra. Com base neste parâmetro, identifica-se Nordeste e Alguarany como genótipos de adaptação geral. Esses genótipos apresentaram médias gerais satisfatórias, sendo classificados como 1º e 2º mais produtivos, conforme pode ser observado (Tabela 3). De acordo com a expressão que estima o P_i , quanto menor o seu valor, menor será também o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Assim, maior estabilidade estará associada à maior produtividade (Lin & Binns, 1988), fato também evidenciado neste trabalho.

Essa alta correlação entre média e estabilidade é uma característica do método Lin e Bins (1988), e é considerada a maior vantagem desse método, pois consegue identificar os genótipos mais estáveis sempre entre os mais produtivos, como observado também por Farias et al. (1996) para rendimento de algodão em caroço; por Daros et al. (2000), em genótipos de batata doce; por Scapim et al. (2000), na cultura do milho; por Carbonell et al. (2001), em estudo de avaliação de estabilidade em feijoeiro; por Lédo et al. (2005) em estudos realizados com alfaça; por Paula (2009), na cultura do milho de pipoca.

Considerando-se os componentes das estimativas de P_i que são atribuídos ao desvio genético e à interação genótipos por ambiente (Tabela 3), pode-se observar que em todos os genótipos avaliados o componente genético foi superior ao componente devido à interação. No entanto, retornando ao genótipo

Nordestina, citado como a de menor valor de P_i , pode-se observar que a porcentagem para o valor genético foi ligeiramente inferior em relação aos demais (25,07%). Considerando que o genótipo ideal deve apresentar o menor valor possível de P_i e maior influência do componente genético, pode-se, por conseguinte, verificar que o genótipo de maior interesse foi o cultivar Alguarany.

Ressalta-se, todavia, que altos valores de P_i não implicam, necessariamente, em genótipos instáveis. Como pode ser visto na Tabela 3, os cultivares Savana e Lyra, apesar de serem os genótipos com maiores valores de P_i , apresentaram valores percentuais para o desvio genético de 91,87% e 77,75%, respectivamente.

A decomposição do parâmetro de estabilidade proposto por Lin e Binns (1988) em partes devidas a ambientes favoráveis (aqueles com média superior à média geral) e a ambientes desfavoráveis (cujas médias são inferiores à média geral), apresentada na Tabela 4, possibilita conhecer a resposta dos genótipos às relações das condições do ambiente. Verifica-se, novamente, o excelente desempenho dos cultivares Nordeste e Alguarany, que apresentaram um comportamento estável tanto nos ambientes favoráveis quanto nos ambientes desfavoráveis. Estas cultivares foram classificadas em primeiro lugar e segundo lugar nos dois ambientes, evidenciando uma superioridade no sentido de adaptabilidade geral, indicando que estes materiais devem ser resistentes aos estresses bióticos e abióticos, e podem ser utilizados em condições de menor nível tecnológico.

Tabela 3 – Estimativas dos parâmetros de estabilidade segundo o método proposto por Lin e Binns (1988) para a característica produção de grãos (t.ha⁻¹) de nove acessos de mamona avaliados em oito ambientes no Estado do Rio de Janeiro.

| Acessos | Média | Pi Geral | Desvio | | % para desvio genético |
|------------|--------|----------|----------|-----------|------------------------|
| | | | Genético | Interação | |
| IAC 80 | 1,1018 | 0,1307 | 0,0657 | 0,0650 | 50,26 |
| Alguarany | 1,1386 | 0,0756 | 0,0530 | 0,0226 | 70,13 |
| Paraguaçu | 1,0445 | 0,1514 | 0,0881 | 0,0633 | 58,17 |
| Nordestina | 1,3309 | 0,0355 | 0,0089 | 0,0266 | 25,07 |
| Savana | 0,7650 | 0,2661 | 0,2445 | 0,0216 | 91,87 |
| Lyra | 0,7988 | 0,2848 | 0,2214 | 0,0633 | 77,75 |
| Mirante | 0,9409 | 0,1995 | 0,1370 | 0,0625 | 68,67 |
| IAC 226 | 0,9458 | 0,1896 | 0,1344 | 0,0552 | 70,90 |
| Cafelista | 0,9183 | 0,2012 | 0,1490 | 0,0522 | 74,05 |

Tabela 4 – Decomposição do parâmetro de estabilidade proposto por Lin e Binns (1988) em partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis.

| Genótipos | Pi Favorável | Pi Desfavorável |
|------------|--------------|-----------------|
| IAC 80 | 0,1017 | 0,1597 |
| Alguarany | 0,0647 | 0,0866 |
| Paraguaçu | 0,0899 | 0,2130 |
| Nordestina | 0,0636 | 0,0074 |
| Savana | 0,2735 | 0,2588 |
| Lyra | 0,2007 | 0,3689 |
| Mirante | 0,1175 | 0,2815 |
| IAC 226 | 0,1294 | 0,2498 |
| Cafelista | 0,2483 | 0,1542 |

Eberhart e Russell (1966): regressão simples

Os resultados da análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica avaliados pelo método da regressão linear de Eberhart e Russel (1966) são apresentados na Tabela 5. Por esta metodologia, a cultivar ideal será aquela que apresentar alta produtividade, adaptabilidade geral ($\beta_{1i} = 1$) e boa estabilidade ($\sigma^2_{di} = 0$).

Verifica-se que todos os genótipos avaliados apresentaram adaptabilidade ampla, com estimativa de $\beta_{1i} = 1$, indicando que estes apresentam adaptabilidade ampla, ou seja, respondem tanto em ambientes favoráveis quanto em desfavoráveis.

Com relação à estabilidade dos genótipos avaliados pelo desvio de regressão (σ^2_{di}), os genótipos Paraguaçu, Savana, Lyra, IAC 226 e Cafelista apresentaram alta previsibilidade às oscilações ambientais. Esse resultado foi confirmado pelas estimativas dos coeficientes de determinação (R^2), que mostraram, de maneira geral, um adequado ajustamento dos dados à reta de regressão, evidenciando alta previsibilidade de comportamento dos genótipos. O genótipo Cafelista, apesar de ter apresentado σ^2_{di} igual a zero, mostrou um coeficiente de determinação (R^2) muito baixo, exibindo um ajustamento não adequado dos dados à reta de regressão.

Os genótipos IAC80, Alguarany e Nordestina apresentaram produtividades superiores a média e adaptabilidade ampla, porém, foram considerados de baixa estabilidade fenotípica.

Tabela 5 – Parâmetros de estabilidade estimados segundo a metodologia de Eberhart e Russel (1966), para 9 genótipos, avaliados em oito ambientes.

| Genótipos | $\hat{\beta}_{0i}$ | $\hat{\beta}_{1i}$ | $\hat{\sigma}^2_{di}$ | R_i^2 (%) |
|------------|--------------------|----------------------|-----------------------|-------------|
| IAC 80 | 1,1018 | 0,5206 ^{NS} | 0,0687 ^{**} | 19,36 |
| Alguarany | 1,1386 | 0,6364 ^{NS} | 0,0339 [*] | 36,60 |
| Paraguaçu | 1,0445 | 1,2785 ^{NS} | 0,0091 ^{NS} | 80,45 |
| Nordestina | 1,3309 | 0,9371 ^{NS} | 0,103 ^{**} | 36,17 |
| Savana | 0,7650 | 0,8672 ^{NS} | -0,0115 ^{NS} | 83,92 |
| Lyra | 0,7988 | 1,5077 ^{NS} | 0,0028 ^{NS} | 87,70 |
| Mirante | 0,9409 | 1,5633 ^{NS} | 0,0284 [*] | 79,42 |
| IAC 226 | 0,9458 | 1,4228 ^{NS} | -0,0023 ^{NS} | 88,74 |
| Cafelista | 0,9183 | 0,2664 ^{NS} | 0,0130 ^{NS} | 13,76 |

Cruz et al. (1989): regressão bissegmentada

Na Tabela 6 são apresentados os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade estimados pelo método proposto por Cruz et al. (1989). Verifica-se que a estimativa de $\hat{\beta}_{1i}$, que avalia o desempenho dos genótipos nos ambientes desfavoráveis, foi não significativo para todos os genótipos, evidenciando adaptabilidade ampla.

A estimativa de $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ que avalia o desempenho dos genótipos nos ambientes favoráveis, mostrou que, apenas o genótipo IAC80, foi responsivo à melhoria ambiental. Os demais genótipos com $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} = 1$ respondem proporcionalmente as mudanças de ambiente, estando em parte de acordo com o método de Eberhart e Russel (1966).

Quanto à estabilidade dos genótipos, todos apresentaram comportamento previsível.

A cultivar ideal preconizada por Cruz et al. (1989), média alta, baixa sensibilidade a ambientes desfavoráveis ($\hat{\beta}_{1i} < 1$), responsivo a melhoria ambiental ($\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} > 1$) e alta previsibilidade de comportamento (desvios de regressão não significativos), não foi encontrada entre os genótipos avaliados.

Com exceção do genótipo IAC80, os parâmetros de adaptabilidade $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ foram não significativos, demonstrando que grande parte desses genótipos apresentaram resposta linear simples, não desviando da resposta média dos ambientes.

De maneira geral, o genótipo que mais se destacou foi o IAC80, com média alta, boa resposta a melhoria do ambiente e de comportamento estável.

Tabela 6 – Parâmetros de estabilidade e adaptabilidade, estimados segundo a metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), para 9 genótipos avaliados em 8 ambientes.

| Genótipos | Média nos ambientes | | | $\hat{\beta}_{1i}$ | $\hat{\beta}_{1i+}$ | $\hat{\beta}_{2i}$ | $\hat{\sigma}_{di}^2$ | R ² (%) |
|------------|---------------------|---------|-----------|----------------------|-----------------------|--------------------|-----------------------|--------------------|
| | Geral | Desfav. | Favorável | | | | | |
| IAC 80 | 1,1018 | 0,9022 | 1,3014 | 0,9181 ^{NS} | -1,6742 ^{**} | | 0,074 | 81,70 |
| Alguarany | 1,1386 | 0,9194 | 1,3577 | 0,9206 ^{NS} | -0,9333 ^{NS} | | 0,054 | 76,93 |
| Paraguaçu | 1,0445 | 0,7907 | 1,2983 | 1,1961 ^{NS} | 1,7331 ^{NS} | | 0,118 | 82,29 |
| Nordestina | 1,3309 | 1,1854 | 1,4763 | 0,7617 ^{NS} | 1,9054 ^{NS} | | 0,146 | 43,17 |
| Savana | 0,7650 | 0,5870 | 0,9429 | 0,8224 ^{NS} | 1,1141 ^{NS} | | 0,039 | 85,15 |
| Lyra | 0,7988 | 0,4917 | 1,1059 | 1,3658 ^{NS} | 2,2912 ^{NS} | | 0,157 | 91,99 |
| Mirante | 0,9409 | 0,5927 | 1,2889 | 1,4281 ^{NS} | 2,3097 ^{NS} | | 0,192 | 82,70 |
| IAC 226 | 0,9458 | 0,6704 | 1,2211 | 1,3087 ^{NS} | 2,0529 ^{NS} | | 0,544 | 91,90 |
| Cafelista | 0,9183 | 0,8477 | 0,9889 | 0,2782 ^{NS} | 0,2009 ^{NS} | | 0,013 | 13,91 |

RESUMO E CONCLUSÕES

Com o objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade da produção de grãos de nove genótipos de mamoneira, foram instalados experimentos nos municípios de Campos dos Goytacazes, Itaocara e Avelar, no Estado do Rio de Janeiro. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. A análise de variância conjunta revelou interação genótipo por ambientes em nível de 1 % de probabilidade pelo teste F. O estudo da adaptabilidade e da estabilidade pelo método de Lin e Binns (1988) discriminou os genótipos mais estáveis e responsivos, que foram também os mais produtivos, sendo que os genótipos Nordestina e Alguarany demonstraram melhor desempenho. Os métodos de Cruz et al. (1989) e Eberhart e Russel (1966) revelaram adaptabilidade ampla para todos os genótipos. De forma sucinta pode-se chegar as seguintes conclusões:

- a significância na fonte G x A confirma a presença da interação genótipos por ambientes.

- o método de Lin e Binns (1988) indicou os genótipos mais estáveis e responsivos.
- a metodologia de Lin e Binns (1988) é de grande ajuda para os programas de melhoramento pela sua fácil interpretação e objetividade dos resultados, podendo ser utilizada com maior frequência em futuros experimentos.
- os genótipos em estudo apresentaram adaptabilidade ampla.
- Os genótipos com melhor desempenho foram Alguarany e Nordestina.

REFERÊNCIAS

- Almeida, C. M.; Almeida Neto, J. A.; Pires, M. de M., Rocha, P. K. (2004) A Produção de mamona no Brasil e o Probiodiesel. *Anais do 1º Congresso Brasileiro de Mamona*, Campina Grande. CDROM.
- Beltrão, N. E. M.; Azevedo, D. M. P. (2007) Fitologia. In: Azevedo, D. M. P.; Beltrão, N. E. M (Ed). *O agronegócio da mamona no Brasil*. Campina Grande: Embrapa Algodão. p 117-137.
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5ª edição, Viçosa, MG: Ed. UFV. 529p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.
- Carneiro, P. C. S. (1998) *Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. Tese (Doutorado), Viçosa: UFV, 168p.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa Genes: Versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 648p.

- Cruz, C. D., Torres, R. A. de, Vencovsky, R. (1989) Na alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12: 567-580.
- Eberhart, S. A., Russel, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6 (1): p.36-40.
- Finlay, K. W., Wilkinson, G. N. (1963) The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14 (6): 742-754.
- HUEHN, M. (1990) Nonparametric measures of phenotypic stability. Part I: theory. *Euphytica*. v.47, p.189-194.
- Lin, C. S., Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, 68 (1): 193-198
- Paula, T. O. M de (2009) *Adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e otimização experimental em milho pipoca*. Tese (Mestrado) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro– UENF.
- Pimentel-Gomes, F. (2000) *Curso de estatística experimental*. 14.ed. Piracicaba: Nobel, 477p.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., Murty, B. R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theor. Appl. Genet*, 53: 89-91.
- Rocha, M. M.; Vello, N. A. (1999) Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia*, v.58, n.1, p.69-81.

Tai, G. C. C. (1971) Genotypic stability analyses and its application to potato regional trials. *Crop Science*, v.2, n.2, p. 184-194.

3.2. DESCRITORES QUANTITATIVOS NA ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA UTILIZANDO ANÁLISES MULTIVARIADAS

RESUMO

O conhecimento da diversidade é de fundamental importância para o melhoramento de plantas, pois além de identificar combinações que possam expressar elevada heterose, aumentam a perspectiva de seleção de segregantes superiores, com a potencialização da variabilidade no cruzamento entre genótipos dessemelhantes. Diversos métodos multivariados podem ser aplicados no estudo da diversidade, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. Os objetivos neste trabalho foram avaliar a diversidade de onze genótipos de mamoneira na região Norte do Estado do Rio de Janeiro e investigar o potencial do uso dos genótipos em futuros programas de melhoramento. Foram avaliadas seis características quantitativas (altura de planta, comprimento total dos racemos, comprimento da região com frutificação do racemo, comprimento da região sem frutificação no racemo, número de frutos por racemo e produção total), utilizando-se delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Houve diferenças significativas entre os tratamentos para todas as características avaliadas. As análises multivariadas (UPGMA, Tocher e Variáveis Canônicas) foram similares formando três grupos. Os genótipos Nordestina, IAC 80, Al Guarany, Paraguaçu, Mirante e IAC 226 revelaram-se promissores para as regiões avaliadas. Em

programas de intercruzamentos, recomendam-se as combinações AI Guarany x Nordeste, AI Guarany x IAC 80 e Nordeste x IAC 80.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L., análise multivariada, pseudo-F e pseudo-t².

ABSTRACT

Knowledge of the diversity is of fundamental importance for plant breeding, as well as the identification of combinations that can express high heterosis levels, increase the expectation of selection of superior segregating genotypes, based on the accumulation of variability by crosses between dissimilar genotypes. Several multivariate methods can be applied to investigate diversity, which are chosen according to the accuracy desired by the researcher, ease of analysis and how data were obtained. The purpose of this study was to evaluate the diversity of 11 castor bean genotypes in the north of Rio de Janeiro and investigate the potential of each genotype for future breeding programs. Six quantitative traits (plant height, total raceme length, length of the region with fruiting raceme, length of the region without fruiting raceme, number of fruits per raceme and total yield) were evaluated in a randomized block design with four replications. The differences between treatments were significant for all traits evaluated. Results of multivariate analyses (UPGMA, Tocher and canonical variables) were similar, forming three groups each. The genotypes Nordeste, IAC 80, AI Guarany, Paraguaçu, Mirante and IAC 226 proved promising for the studied regions. For crossing *or* breeding programs, the combinations AI Guarany x Nordeste, AI Guarany x IAC 80 and Nordeste x IAC 80 are recommended.

Key words: *Ricinus communis* L., multivariate analysis, pseudo-F e pseudo-t²

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é nativa da África tropical; porém, atualmente, é cultivada em regiões tropicais e subtropicais do mundo (Govaerts et al., 2000; Allan et al., 2008). O óleo da mamona possui alto valor econômico em razão da sua versatilidade de aplicação na indústria, podendo ser utilizado na composição de cosméticos, de produtos farmacêuticos, de óleos lubrificantes, além de polímeros (Takano et al., 2007; Allan et al., 2008). A versatilidade do óleo de mamona se deve à estrutura química do ácido ricinoléico (INTERNATIONAL CASTOR OIL ASSOCIATION – ICOA, 2008).

Entre os maiores produtores, há inequívoco destaque para a Índia, que detém 68% da produção mundial (FAO, 2008). Outros produtores de *Ricinus communis* L., porém em menor escala são a China (18%) e o Brasil (8%) (FAO, 2008). No Brasil a produção está concentrada principalmente no semi-árido e no Estado da Bahia, que respondem por mais de 80% da produção e da área plantada (Carvalho, 2005). No que se refere à produtividade média, o Brasil, com estimativa de 587,00 kg ha⁻¹, está sobremaneira aquém do que é obtido na Índia e na China, com produtividades médias de 1.064,00 e 954,00 kg ha⁻¹, respectivamente (FAO, 2008).

A baixa produtividade nacional deve-se principalmente a utilização de sementes de baixa qualidade e de cultivares não adaptadas às regiões de cultivo (Costa et al., 2006). Neste contexto, instituições como a Embrapa e outros centros de pesquisa têm desenvolvido programas de melhoramento genético, principalmente visando ao aumento da produtividade (Cavalcante et al., 2008).

Nos programas de melhoramento de plantas, a informação quanto à diversidade é de fundamental importância, pois permite a identificação de

combinações híbridas que possam produzir altos efeitos heteróticos além de maior variabilidade genética em gerações segregantes (Bahia et al., 2008; Rocha et al., 2009). Na predição da diversidade genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. Entre os métodos multivariados destacam-se a análise por componentes principais, variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos hierárquicos e de otimização (Cruz et al., 2004; Sudré et al., 2007; Gonçalves et al., 2008). Trabalhos recentes têm sido desenvolvidos visando à determinação da diversidade genética na cultura da mamona (Figueiredo Neto et al., 2004; Costa et al., 2006; Allan et al., 2008; Bahia et al., 2008; Cavalcante et al., 2008).

Nas regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, no qual o predomínio é de agricultores familiares, a mamoneira torna-se uma alternativa viável de renda nas pequenas propriedades e para fixação de trabalhadores na área rural. Sendo assim, desenvolveu-se essa pesquisa com os intentos de quantificar a diversidade genética entre onze genótipos de mamoneira cultivados nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, bem como indicar combinações híbridas para futuros trabalhos de melhoramento genético com a cultura, visando à geração de segregantes superiores.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados onze genótipos de mamoneira, sendo dois híbridos (Lyra e Savana) e nove cultivares (IAC-80, Al Guarany, Paraguaçu, Nordestina, Mirante, Nativa, Cafelista, Tito e IAC 226) provenientes do ensaio de competição de cultivares realizado na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), Estação Experimental de Campos dos Goytacazes, nas coordenadas geográficas de 21° 45' latitude sul e 41° 18' longitude oeste, e altitude de 11 metros, no solo classificado como Cambissolo.

O Preparo do solo foi realizado de forma convencional com uma aração e duas gradagens. Momentos antes do plantio foi realizado sulcamento, com auxílio de um sulcador tratorizado a uma profundidade de 0,10 m.

A adubação utilizada no plantio foi a de 300 kg ha⁻¹ da fórmula 04-14-08(N,P,K), distribuídos no sulco de plantio e incorporados manualmente, antes da semeadura, para evitar o contato direto das sementes com as partículas de fertilizantes.

A semeadura foi realizada manualmente no dia 21/12/2005, com densidade de plantio de três sementes a cada metro com desbaste (aos 30 dias após a emergência) para uma planta por metro.

Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Cada parcela experimental constou de três linhas de sete metros de comprimento, espaçadas em 2 m, constituindo área total de 42 m². Foi considerada a área útil a linha central de cada parcela, descontando 1m de cada extremidade, resultando numa área 10 m².

Foram avaliadas seis características, a saber: altura de planta, em metros (ALTP); comprimento total dos racemos, em cm (CR); comprimento da região com frutificação do racemo, em cm (CFR); comprimento da região sem frutificação no racemo, em cm (CSF); número de frutos por racemo, em unidades (NFR) e produção total, em Kg.ha⁻¹ (PROD).

Os dados, inicialmente, foram submetidos à análise de variância para averiguação de variabilidade genética entre os acessos e, em seguida, os valores médios foram ordenados segundo o procedimento Scott-Knott, em 5% de probabilidade.

Análises multivariadas foram implementadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base nos métodos UPGMA, Ward e Vizinho Mais Próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade (Mohammadi & Prasanna, 2003; Cruz et al., 2004; Cruz, 2008); de otimização, por meio do método de Tocher (Cruz et al., 2004; Cruz, 2008); bem como pelo procedimento das Variáveis Canônicas (Cruz et al., 2004).

Para testar a eficiência de cada método de agrupamento hierárquico estimou-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC). Posteriormente, calculou-se o número de grupos ideal utilizando os critérios pseudo-F e pseudo-t² (Mingoti, 2007; Gonçalves et al., 2008).

Os dados foram analisados utilizando-se os recursos computacionais dos programas GENES (Cruz, 2006), R (R *DEVELOPMENT CORE TEAM*, 2006) e SAS (SAS INSTITUTE, 1990).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância univariada todas as características expressaram diferenças significativas entre os genótipos, denotando a diferenciação agronômica dos materiais avaliados, consequenciando na necessidade de avaliação das médias separadamente em cada genótipo e seu agrupamento pelo procedimento de Scott e Knott (Tabela 1).

No agrupamento dos genótipos, as características comprimento total do racemo (CR) e comprimento da região sem frutificação no racemo (CSF) revelaram as variabilidades mais pujantes, com a formação de quatro grupos, seguidas por comprimento da região com frutificação do racemo (CRF) e número de frutos por racemo (NFR), em que três grupos foram constituídos. A altura da planta (ALTP) e produção total (PROD) compuseram apenas dois grupos. Por uma análise lógica do agrupamento das médias genotípicas, percebe-se a ocorrência de variabilidade agronômica entre os materiais estudados, já denotada no teste F, o que é de absoluta importância para o aproveitamento da heterose e obtenção de segregantes com constituições genotípicas de interesse para o Norte e Noroeste Fluminense em programas de melhoramento genético com *Ricinus communis* L.

Os materiais Nordeste, Al Guarany, IAC 80, Paraguaçu, Mirante e IAC 226 tiveram as maiores produções quando comparados com os outros genótipos. Em relação ao CR, o genótipo IAC 80 conteve o maior valor, seguido por Al Guarany, Cafelista e IAC 226, o que consequenciou em maior número de frutos por racemo para esses genótipos (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de médias¹ aritméticas de onze genótipos de mamoneira para seis descritores agrônômicos, agrupados pelo procedimento Scott-Knott. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

| Genótipos | Características | | | | | |
|------------|-----------------|--------|---------|---------|---------|----------|
| | PROD | ALTP | CR | CRF | CSF | NFR |
| IAC 80 | 1.405,00 a | 1,97 a | 61,38 a | 44,38 a | 16,99 b | 101,93 a |
| Al Guarany | 1.535,75 a | 1,61 b | 51,25 b | 26,48 b | 24,77 a | 83,80 b |
| Paraguaçu | 1.205,00 a | 2,16 a | 22,19 d | 13,71 c | 8,47 d | 32,18 c |
| Nordestina | 1.617,50 a | 2,46 a | 40,00 c | 26,24 b | 13,76 c | 59,85 c |
| Savana | 960,00 b | 1,08 b | 30,63 d | 24,69 b | 5,94 d | 56,78 c |
| Lyra | 758,13 b | 1,33 b | 25,96 d | 16,31 c | 9,65 d | 45,93 c |
| Mirante | 1.120,00 a | 2,17 a | 35,75 c | 27,07 b | 8,68 d | 57,95 c |
| IAC 226 | 1.046,67 a | 2,03 a | 48,33 b | 28,68 b | 19,65 b | 107,60 a |
| Cafelista | 619,38 b | 1,42 b | 49,94 b | 31,27 b | 18,67 b | 73,59 b |
| Nativa | 610,00 b | 2,56 a | 28,19 d | 16,38 c | 11,81 c | 33,88 c |
| Tito | 450,00 b | 1,88 a | 25,20 d | 16,48 c | 8,72 d | 44,73 c |

⁽¹⁾ PROD: Produção total; ALTP: altura da planta; CR: comprimento total dos racemos; CRF: comprimento da região com frutificação do racemo; CSF: comprimento da região sem frutificação no racemo; NFR: número de frutos por racemo; médias com letras iguais não diferem entre si, pelo procedimento Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

Na análise fundamentada por Variáveis Canônicas (CAN), verificou-se que as duas primeiras explicaram 92,94% da variância total acumulada, sendo CAN1 responsável por 82,59% e CAN2 por 10,35% (Figura 1). Estes valores são considerados satisfatórios para representação gráfica bi-dimensional, o que é possível quando as Variáveis Canônicas explicam mais de 80% da variância contida no conjunto de características analisadas (Cruz et al., 2004). Pela análise visual do gráfico bi-dimensional, pode-se inferir que três grupos foram formados, sendo que o grupo I reuniu apenas o genótipo Al Guarany; o grupo II, os genótipos IAC 226, Cafelista, Lyra, Nordestina, Tito, Paraguaçu e Nativa; e o grupo III, com os genótipos IAC 80, Savana e Mirante (Figura 1).

Pelo método de otimização via Tocher houve a formação de três grupos, de forma análoga aos grupos formados pelas Variáveis Canônicas (Tabela 2). Na análise de agrupamento hierárquico, o método UPGMA revelou maior correlação cofenética quando comparado com os métodos Ward e Vizinho Mais Próximo, com valores respectivos de 0,76, 0,60 e 0,72. Na concepção de Sokal e Rohlf

(1962) valores abaixo de 0,80 indicam baixa representatividade das reais distâncias entre os genótipos por meio da representação gráfica do dendrograma, tornando-se não confiável.

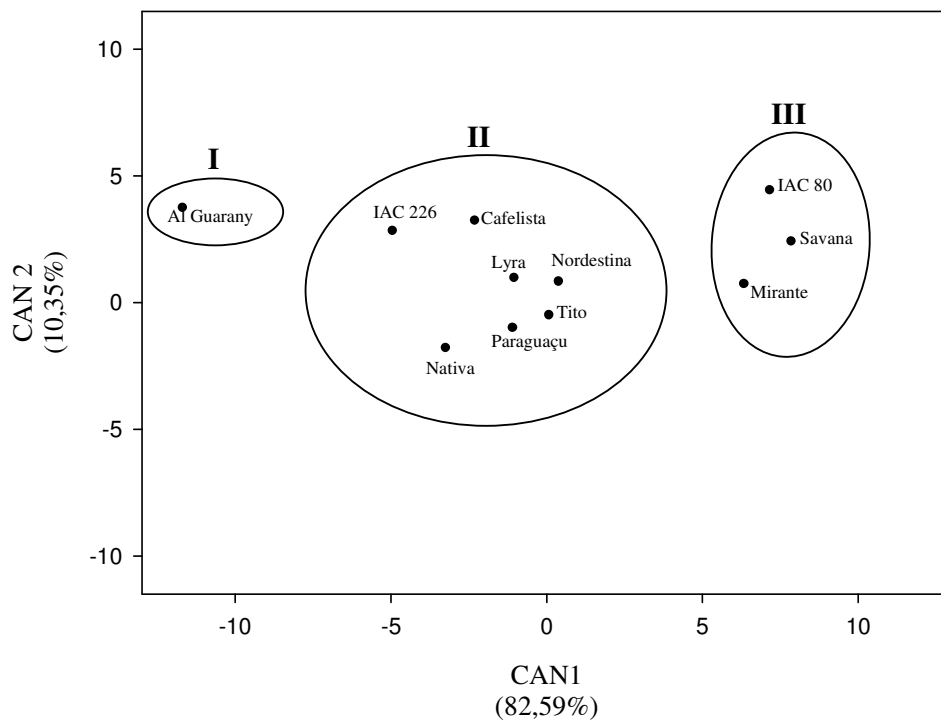


Figura 1. Dispersão gráfica dos escores em relação aos eixos representativos das variáveis canônicas (CAN1 e CAN2) relativos a seis características avaliadas em onze genótipos de mamoneira. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

Tabela 2. Agrupamento de otimização entre onze genótipos^{1/} de mamoneira, obtido pelo método Tocher, com base em seis características, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Campos dos Goytacazes, RJ. 2008.

| Grupos | Genótipos |
|--------|-----------------|
| I | 3 4 6 8 9 10 11 |
| II | 1 5 7 |
| III | 2 |

^{1/} 1: IAC 80; 2: Al Guarany; 3: Paraguaçu; 4: Nordestina; 5: Savana; 6: Lyra; 7: Mirante; 8: IAC 226; 9: Cafelista; 10: Nativa; 11: Tito.

O critério do pseudo-F não permitiu a determinação do número ótimo de grupos, pois o F calculado foi monotonicamente crescente com o número de grupos formados, denotando a inexistência de uma partição natural dos dados. Contudo, pelo critério pseudo-t², pode-se observar que o ponto de máximo (94,1) foi alcançado na formação de três grupos. Segundo Mingoti (2007), o fundamento dos critérios pseudo-F e pseudo-t² está relacionado com o teste de hipótese, ou seja, é como se em cada passo do processo de agrupamento estivesse sendo feito um teste para comparação dos vetores de médias dos dois grupos que se uniram para formar um novo grupo. Por conseguinte, interessam os maiores valores de pseudo-F e pseudo-t², vez que estariam relacionados com a menor probabilidade de significância do teste e, dessa forma, estaria rejeitando a igualdade de vetores de médias com maior significância. Nesse sentido, se a igualdade dos vetores de médias é rejeitada, os dois grupos não deveriam se unir para formar um no grupo.

Pelos grupos formados pelo agrupamento UPGMA utilizando-se o critério do pseudo-t² (Figura 2), houve similaridade com a constituição dos grupos de Tocher e das Variáveis Canônicas. Rememorando o preconizado por Sokal & Rohlf (1962), o valor do coeficiente de correlação cofenético (CCC) para o agrupamento UPGMA seria não confiável, pois expressou estimativa baixa de CCC, com a magnitude de 0,76. Todavia, a similaridade de formação dos grupos por UPGMA com Tocher e Variáveis Canônicas, sobretudo com este último, por reter a quase totalidade da variação nos dois primeiros vetores (92,94%), torna frágil a classificação proposta por Sokal & Rohlf (1962) e válida inferir que os erros ocorridos em cada ciclo de inclusão de indivíduos no processo de

agrupamento por UPGMA não refletiram negativamente na construção do dendrograma.

Em alusão a cultivos experimentais por produtores do Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, têm-se como promissores os genótipos Nordestina, IAC 80, Al Guarany, Paraguaçu, Mirante e IAC 226. No que se refere à pretensão de constituição de futuros programas de melhoramento com *Ricinus communis* L. para as regiões Norte e Noroeste Fluminense, a recomendação de utilização de genótipos divergentes, que apresentem desempenho superior para as principais características de importância agrônômica e atendam os objetivos ao qual o programa está sendo desenvolvido, possibilita indicar como promissores, cruzamentos entre Al Guarany e Nordestina; Al Guarany e IAC 80; e Nordestina e IAC 80, seja em combinações bi-genotípicas ou mesmo múltiplas para a formação de composto de elevada variabilidade a ser explorado em sucessivos ciclos de seleção para a concentração de alelos favoráveis.

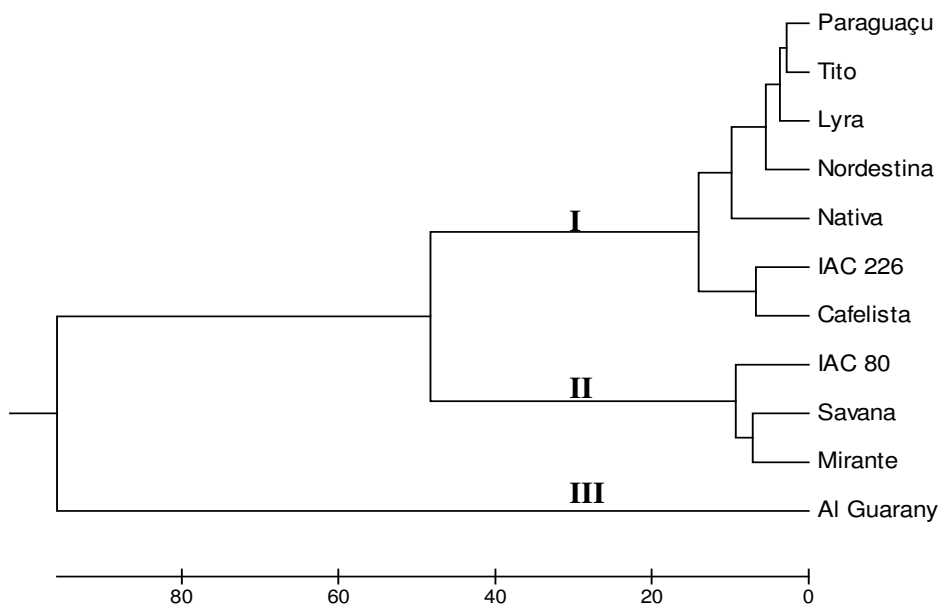


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre onze genótipos de mamoneira, obtido pelo método UPGMA, com base em seis características, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

RESUMO E CONCLUSÕES

A análise da diversidade genética se destina à identificação dos genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de segregantes superiores. Com o objetivo de avaliar a diversidade de onze genótipos de mamoneira na Região Norte do Rio de Janeiro, foram avaliadas seis características quantitativas, utilizando o delineamento em blocos casualizados, onde encontrou-se diferenças significativas entre os tratamentos para todas as características. As análises de UPGMA, Tocher e Variáveis Canônicas foram similares, formando três grupos. Os resultados possibilitam as seguintes conclusões:

- Houve elevada variabilidade genética entre os genótipos de mamona avaliados.
- Os genótipos Nordeste, IAC 80, Al Guarany, Paraguaçu, Mirante e IAC 226 são promissores para o Norte e Noroeste Fluminense, com expectativa de supremacia nas hibridações entre Al Guarany e Nordeste, Al Guarany e IAC 80, e Nordeste com IAC 80.
- O critério pseudo- t^2 , ao proporcionar os mesmos grupos para UPGMA em comparação aos agrupamentos de Tocher e Variáveis Canônicas, coloca em xeque a classificação do coeficiente de correlação cofenética de SOKAL & ROHLF (1962).

REFERÊNCIAS

- Allan, G.; Williams, A.; Rabinowicz, P. D.; Chan, A. P.; Ravel, J.; Keim, P. (2008). Worldwide genotyping of castor bean germplasm (*Ricinus communis* L.) using AFLPs and SSRs. *Genetics Resources and Crop Evolution*, Dordrecht, v.55, n.3, p.365-378.
- Bahia, H. F.; Silva, S. A.; Fernandez, L. G.; Ledo, C. A. S.; Moreira, R. F. C. (2008). Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. *Pesquisa Agropécuaria Brasileira*, Brasília, v.43, n.3, p.357-362.
- Carvalho, B. C. L. (2005) *Manual de cultivo da mamona*. Salvador: EBDA, 65p.
- Cavalcante, M.; Paixão, S. L.; Ferreira, P. V.; Madalena, J. A. S; Costa, J. G. (2008). Divergência genética entre acessos de mamona em dez municípios de Alagoas. *Revista Caatinga*, Mossoró, v.21, n.3, p.111-115.
- Costa, M. N; Pereira, W. E.; Bruno, R. L. A.; Freire, E. C.; Nóbrega, M. B. M.; Milani, M; Oliveira, A. P. (2006). Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.41, n.11, p.1617-1622.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.

- Cruz, C. D. (2008) *Programa Genes diversidade genética*. Viçosa: UFV, 278p.
- FAO 2008. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org>>. Acesso em: 2 de Janeiro, 2009.
- Figueiredo Neto, A; Almeida, F. de A. C.; Gouveia, J. P. G. de; Nóbrega, M. B. M.; Carneiro, R. M.; Pedroza, J. P.(2004). Divergência genética em acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) baseada nas características de semente. *Revista de Biologia e Ciência da Terra*, Campina Grande, v.4, n.2, p.4: 1-10
- Gonçalves, L. S. A.; Rodrigues, Rosana; Amaral Junior, A. T.; Karasawa, M. (2008). Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v.7, n.4, p.1289-1297, 2008.
- Govaerts, R; Frodin, D. G; Radcliffe-Smith, A. (2000). *World checklist and bibliography of Euphorbiaceae (with Pandaceae)*. Redwood Books Limited, Trowbridge, Wiltshire.
- INTERNATIONAL CASTOR OIL ASSOCIATION. (2008). The chemistry of castor oil and its derivatives and their applications. Disponível em: <<http://www.icoa.org/bull2.htm>>. Acesso em: 20 dezembro, 2008.
- Mingoti, S. A. (2007). *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada*. Belo Horizonte: Editora UFMG, 297p.
- Mohammadi, S. A.; Prasanna, B. M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants – salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, Madison, v.43, n.4, p.1235-1248.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. (2006) *A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. Capturado em 13 de mar. de 2008. Online. Disponível na Internet: <http://www.r-project.org>.

- Rocha, M. C; Gonçalves, L. S. A.; Corrêa, F. M.; Rodrigues, R.; Silva, S. L.; Abboud, C. S.; Carmo, M. G. F. (2009) Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.39, n.3, p 664-670.
- SAS INSTITUTE. *SAS/STAT user's guide*. Cary: Statistical Analysis System Institute. 1990. 956p.
- Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, Berlin, v.11, n.1, p.30-40.
- Sudré, C. P; Leonardecz, E.; RODRIGUES, R.; Amaral Júnior, A. T.; Moura, M. C. L.; Gonçalves, L. S. A. (2007). Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.25, n.4, p.496-503.
- Takano, E. H.; Busso; C; Gonçalves, E. A. L.; Chierice, G. O.; Catanzaro-Guimarães, S. A.; Castro-Prado, M. A. A. (2007). Inibição do desenvolvimento de fungos fitopatogênicos por detergentes derivado de óleo da mamona (*Ricinus communis*). *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.5, p.1235-1240.

3.3. VARIABILIDADE E SELEÇÃO DE LINHAS ENDOGÂMICAS DE MAMONEIRA

RESUMO

No presente trabalho, teve-se por objetivo avaliar a variabilidade em 120 linhas S_1 de mamoneira, oriundas da alto-fecundação da cultivar Alguarany, e selecionar aquelas mais promissoras para serem recombinadas. As linhas foram avaliadas quanto a oito características agronômicas, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com 3 repetições. Para maior precisão experimental as 120 progênies foram divididas em 3 grupos, com 40 progênies cada e com parcelas testemunhas correspondentes a cultivar que deu origem a progênie. Utilizaram-se os índices de seleção Mulamba e Mock (1978) e Smith (1936) e Hazel (1943) para predizer os ganhos e selecionar as melhores linhas para serem recombinadas. Houveram diferenças significativas para linhas em todas as características, demonstrando haver variabilidade genética a ser explorada em futuros ciclos. Os dois índices de seleção mostraram-se concordantes na seleção das melhores linhas, sendo que os melhores resultados foram expressos pelo índice de seleção Mulamba e Mock (1978), utilizando como peso econômico o DPg, sendo, desta forma utilizado para selecionar as 30 melhores linhas que serão recombinadas para compor futuros ciclos de seleção.

ABSTRACT

This work aimed to evaluate the variability for 120 S1 castor lines, obtained by selfed plants from cultivar Alguarany, and select those most promising to be recombined. The lines were evaluated for eight agronomic traits, using a randomized block designs with 3 replications. For greater accuracy the work 120 lines were divided into 3 groups, each with 40 progeny and control plots corresponding to cultivate that gave rise to progeny. To select the Best lines it was used the selection index Mulamba and Mock (1978) and Smith (1936) and Hazel (1943). It was found meaningful differences to all the studied characteristics showing that there is genetic variability to be explored in future cycles. The two selection indices were shown to be consistent in the selection of the best lines, and the best results were expressed by the selection index Mulamba and Mock (1978) using the economic weight as DPG, thereby being used to select the 30 best lines to be recombined to form future cycles of selection.

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é considerada uma cultura com alto potencial oleífero, por isso é uma das culturas base para o Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel. O cultivo da mamona tem sido praticado no país, tradicionalmente, pelos pequenos e médios produtores, constituindo-se numa cultura com grande apelo social.

Embora a mamona tenha importância econômica para o país, o seu cultivo ainda é feito com sementes dos próprios produtores, apresentando alto grau de heterogeneidade e grande diversidade de tipos (Myczkowski et al., 2003). Em função da utilização destas sementes, a cultura apresenta, na maioria das regiões produtoras, baixa produtividade, alto nível de suscetibilidade às principais doenças e pragas, e várias características agrônômicas indesejáveis. Há,

portanto, a necessidade de obtenção e distribuição de cultivares de mamona mais produtivos, precoces e com alto teor de óleo (Freire et al., 2007).

A pesquisa sobre o melhoramento da mamoneira, atualmente, demanda esforços, tendo como objetivos: introduzir, de outros países produtores de mamona, materiais que possuam genes de resistência, para obtenção de fontes de resistência às principais doenças, e outras que possam porventura surgir, identificar e/ou sintetizar genótipos que se adaptem às condições edafoclimáticas das regiões produtoras, visando distribuir cultivares mais produtivas, semi-deiscentes, de porte médio a baixo, precoces e com elevado teor de óleo nas sementes (Freire et al., 2007).

Em um país de dimensões continentais como o Brasil, é indispensável um número relativamente grande de material melhorado para que se tenham variedades e híbridos adaptados a todas as regiões do país garantindo alta produtividade e qualidade, tanto para agricultores de alta, como de média e baixa tecnologia.

O sucesso no melhoramento de populações depende fundamentalmente da disponibilidade de variabilidade genética na população. Também é de grande importância a predição de ganhos genéticos obtidos por diferentes estratégias de seleção, sendo possível, por meio desta, orientar de maneira mais efetiva o trabalho de melhoramento, predizendo, assim, o ganho genético esperado com o programa de melhoramento adotado e decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (Cruz e Regazzi, 2004).

Cruz e Regazzi (2004) descreveram que uma maneira de se aumentar a chance do êxito em um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres importantes para a cultura. Por este ponto de vista, a utilização de índices de seleção é uma alternativa eficiente, permitindo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis. Sendo assim, o índice de seleção constitui-se em um caráter adicional estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres, permitindo a seleção simultânea destes.

Considerando-se a importância da cultura da mamona como mais uma opção de cultivo para a região Norte Fluminense, conduziu-se este trabalho com o objetivo de avaliar 120 linhas S_1 de mamoneira, procurando-se determinar a variabilidade entre estas e também selecionar aquelas mais promissoras para

serem recombinadas. Espera-se assim disponibilizar aos produtores interessados maiores subsídios para sua avaliação e plantio, visando a atender ao Programa Riobiodiesel instituído no Estado do Rio de Janeiro, recentemente.

MATERIAL E MÉTODOS

Após a análise da interação genótipo x ambiente e o estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica (Bezerra Neto, 2009), foi selecionado o genótipo Algarany, que teve um dos melhores desempenhos para a região do Norte Fluminense, para dar início a um programa de melhoramento para a região.

Após selecionado o genótipo, foram obtidas 120 progênies através do método de autofecundação, com a proteção de inflorescências novas por meio de sacos de papel impermeável (Freire et al., 2007).

As progênies foram avaliadas utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com 3 repetições. Para maior precisão experimental as 120 progênies foram divididas em 3 grupos, com 40 progênies cada e com parcelas testemunhas correspondentes a cultivar que deu origem as progênies, sendo o plantio realizado no dia 20 de fevereiro de 2008.

A parcela experimental constou de uma linha de seis metros de comprimento, com espaçamento entre linhas e entre plantas na linha de 1,0m, obtendo uma área útil de 7m².

Após o completo desenvolvimento das plantas foram realizadas avaliações de interesse agrônomo para as seguintes características:

1 – altura média de plantas (ALTP) - foi tomado dados de altura de cinco plantas ao acaso por parcela, em metros, desde a superfície do solo até o ápice do ramo mais alto.

2 – altura média Da inserção do primeiro rácemo (ALT1) - foi tomado dados de altura de cinco plantas ao acaso por parcela, em metros, desde a superfície do solo até a inserção do primeiro rácemo.

3 – produção de grãos (PROD) - foram tomados dados de massa dos grãos dos frutos descascados e fazendo a estimativa em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$.

4 – peso de 100 sementes (P100) - valor médio obtido (em gramas) pela pesagem de amostras de 100 sementes por parcela, utilizando-se balança eletrônica de três casas decimais.

5 – número médio de racemos por planta (NR) - avaliado pela contagem do número de racemos por planta, coletados em cinco plantas úteis.

6 – comprimento médio de rácemos (CR) - Valor médio obtido (em cm) pela medição da dimensão longitudinal de racemos, utilizando-se fita métrica.

7 – número médio de frutos por rácemo (NFR) - obtido pela contagem total dos frutos em cada rácemo.

8 – porcentagem de casca (% casca)- obtido pela pesagem de uma amostra da casca de 100 frutos, utilizando-se balança eletrônica de três casas decimais.

Os dados das características foram submetidos a análise de variância de acordo com o esquema de análise apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 – Esquema de análise de variância, quadrados médios e respectivas esperanças matemáticas E(QM), segundo o delineamento em blocos ao acaso.

| FV | GL | QM | E(QM) |
|----------|------------|-------|--------------------------|
| Rep. | (r-1) | - | - |
| Progênie | (p-1) | Q_1 | $\sigma^2 + r\sigma_G^2$ |
| Erro | (r-1)(p-1) | Q_2 | σ_e^2 |

Em que:

Q_1 = quadrado médio entre progênies;

Q_2 = quadrado médio do erro entre parcelas;

σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas;

σ_G^2 = variância genotípica entre progênes;

r = número de repetições.

Obtendo-se as estimativas das variâncias ambientais e genéticas da seguinte forma:

$$\sigma_e^2 = Q_2$$

$$\sigma_G^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

A herdabilidade com base na média de famílias foi estimada pela expressão:

$$h_x^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2},$$

sendo: $\sigma_P^2 = \frac{Q_1}{r}$ o estimador da variância fenotípica entre famílias.

O coeficiente de variação genotípica foi expresso por:

$$CV_G = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m} \times 100$$

O estimador do coeficiente de variação experimental foi expresso por:

$$CV_e = \frac{\sqrt{QM_{resíduo}}}{m} \times 100$$

Para o cálculo das correlações foram utilizadas as seguintes expressões: coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e ambiental (r_A) entre os pares de características (Cruz et al., 2004):

$$r_f = \frac{COV_{f(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma_{fX}^2 \cdot \sigma_{fY}^2)}}$$

$$r_G = \frac{COV_{G(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{GX} \cdot \sigma^2_{GY})}}$$

$$r_A = \frac{COV_{A(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{AX} \cdot \sigma^2_{AY})}}$$

em que:

$COV_{F(X,Y)}$, $COV_{G(X,Y)}$ e $COV_{A(X,Y)}$ correspondem, respectivamente, às estimativas das covariâncias fenotípicas, genóticas e de ambiente entre as características x e y;

σ^2_{FX} , σ^2_{GX} , σ^2_{AX} , correspondem às estimativas das variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica X; e

σ^2_{FY} , σ^2_{GY} e σ^2_{AY} , correspondem às variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica Y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de probabilidade (Cruz e Regazzi, 2003).

Posteriormente, empregou-se os índices de seleção Mulamba e Mock (1978) e Smith (1936) e Hazel (1943) para predizer os ganhos e selecionar as melhores linhas para serem recombinadas.

O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks” que assinala a classificação dos genótipos (Cruz et al., 2004).

Índice de Smith (1936) e Hazel (1943) foi concebido como uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características. O valor observado de cada característica é ponderado por um dos coeficientes do índice (Baker, 1986; Cruz et al., 2004), obtendo-se o seguinte agregado fenotípico:

$$I = b_1 P_1 + \dots + b_i P_i + b_n P_n,$$

em que:

I = índice de seleção;

b_i = o peso atribuído à característica P_i no índice de seleção; e
 n = número de características avaliadas.

O valor genético total é representado por uma combinação linear dos valores genéticos de cada característica, ponderados por pesos econômicos conhecidos, definidos pelo pesquisador (Baker, 1986; Marques, 2000). Essa combinação linear é designada do agregado genotípico:

$$W = a_1G_1 + a_i G_i + \dots + a_nG_n,$$

em que:

W = valor genético ou agregado genotípico;

a_i = peso econômico atribuído ao valor genético G_i de cada característica; e

n = número de características avaliadas.

A variação no agregado genotípico, devido ao uso do índice de seleção, é (Baker, 1986):

$$\Delta W = (W_s - W_o) = b_w (I_s - I_o), \quad (1)$$

em que:

ΔW = variação esperada no valor genotípico;

W_s = valor genotípico dos indivíduos selecionados;

W_o = valor genotípico da população original;

b_w = coeficiente de regressão linear;

I_s = valor do índice de seleção nos indivíduos selecionados; e

I_o = valor do índice de seleção da população original.

A expressão (1) pode ser apresentada da seguinte forma:

$$\Delta W = (\text{Cov}(W, I)) / V(I) * (I_s - I_o), \quad (2)$$

em que:

$\text{Cov}(W, I)$ = covariância entre o valor genético e o índice; e

$V(I)$ = variância do índice.

Se a variação for expressa em unidades de desvio padrão, tem-se a expressão (Baker, 1986):

$$\Delta W / \sigma_w = ((I_s - I_o) \sigma_{w,l}) / (\sigma_l * \sigma_w, \sigma_l) = ((I_s - I) / \sigma_l) r_{wI}, \quad (3)$$

em que:

σ_w = desvio-padrão do agregado genotípico;

σ_l = desvio-padrão do índice de seleção;

σ_w, σ_l = covariância entre o valor genotípico e o índice de seleção; e

r_{wI} = coeficiente de correlação entre o valor genotípico e o índice de seleção.

Como o diferencial de seleção expresso em unidades de desvio-padrão fenotípico depende da intensidade de seleção, para maximizar a expressão (3) são necessários coeficientes do índice de seleção que maximizem a correlação. Smith (1936), citado por Baker (1986), demonstrou que a solução do seguinte sistema de equações na forma matricial é a que maximiza o coeficiente de correlação:

$$Pb = Ga,$$

em que:

P = matriz n por n das variâncias e covariâncias fenotípicas;

b = vetor $n \times 1$ de coeficientes do índice clássico, a ser determinado;

G = matriz n por n das variâncias e covariâncias genotípicas; e

a = vetor $n \times 1$ dos pesos econômicos atribuídos aos valores genéticos.

Com a resolução em ordem a b , obtém-se: $b = P^{-1} Ga$, que permite obter os coeficientes do Índice Clássico.

No presente trabalho, foram usados como ganhos desejados o coeficiente de variação genético, o desvio-padrão genético, a herdabilidade e os pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como médias e os coeficientes percentuais de variação experimental para linhas S₁ de mamoneira são apresentados na Tabela 2.

Os coeficientes de variação experimental para as características estudadas variaram de 7,27 a 45,37 (%). Esses coeficientes de variação estão de acordo com os observados por outros autores (Costa, 2006; Amaral, 2003). O caráter rendimento foi o que apresentou um coeficiente de variação mais alto (45,9 (%)). Entretanto, tanto na mamoneira como em outras culturas os coeficientes de variação para caracteres relacionados a produção são geralmente altos, o que indica que esta característica é altamente influenciada pelas condições ambientais. Em mamoneira, como a colheita, requer o emprego de mão-de-obra, e também em função do grau de deiscência dos cultivares, o coeficiente de variação não depende somente das condições ambientais durante a fase de condução dos experimentos, mas também depende das condições no período de beneficiamento, que pode gerar fatores adicionais de erro (Nobrega, 2008).

Pode-se verificar que apenas não houve efeito significativo para altura do primeiro rácemo e porcentagem de casca no set 2 e porcentagem de casca no set 3. Tal resultado demonstra haver variabilidade genética a ser explorada em futuros ciclos, possibilitando progressos com a seleção.

Na Tabela 3 encontram-se as estimativas da variância fenotípica (σ_f^2), variância genotípica (σ_g^2), variância residual (σ^2r), herdabilidade com base na média de famílias (h_x^2) e coeficiente de variação genético (CV_g) para oito características avaliadas em 120 linhas endogâmicas de mamoneira em Campos dos Goytacazes, RJ.

Tabela 2 - Quadrados médios de tratamentos, médias e coeficiente de variação experimental de oito características avaliadas em famílias endogâmicas de mamoneira, obtidos pelas análises individuais em três sets, Campos dos Goytacazes, 2009.

| FV | GL | Características ¹ | | | | | | | |
|-------------|----|------------------------------|-------------|----------|---------|---------|---------|--------|-------|
| | | P100 | PROD | NFR | CR | ALT1 | ALTP | %casca | NR |
| Rep | 2 | 0.190 | 734751.64* | 176.116* | 227.69* | 0.091* | 0.246* | 3.20 | 1.70* |
| Trat/ Set 1 | 39 | 19.802** | 555749.4* | 182.94* | 262.27* | 0.069* | 0.124** | 14.53* | 2.64* |
| Resíduo | 78 | 11.318 | 185984.06 | 52.83 | 60.01 | 0.022 | 0.068 | 6.57 | 0.856 |
| Média | | 46.27 | 1152.78 | 33.77 | 43.37 | 0.72 | 1.45 | 31.06 | 3.12 |
| Cve (%) | | 7.27 | 37.41 | 21.52 | 17.85 | 20.84 | 18.05 | 8.25 | 29.58 |
| Rep | 2 | 26,18* | 27181.21 | 220.52* | 71.42 | 0.041 | 0.29* | 13.46* | 0.44 |
| Trat/ Set 2 | 40 | 28.76* | 391016.27* | 216.83* | 203.67* | 0.036 | 0.17* | 8.19 | 1.55* |
| Resíduo | 80 | 11.81 | 194995.02 | 77.09 | 64.42 | 0.029 | 0.07 | 6.43 | 0.80 |
| Média | | 45.90 | 973.23 | 36.09 | 40.19 | 0.71 | 1.40 | 30.97 | 2.75 |
| Cve (%) | | 7.48 | 45.37 | 24.32 | 19.97 | 24.40 | 18.84 | 8.18 | 32.54 |
| Rep | 2 | 72.39* | 142169.44** | 1486.85* | 161.94* | 0.265* | 0.127* | 23.01 | 2.04* |
| Trat/Set3 | 39 | 38.87* | 163716.44** | 286.56* | 157.51* | 0.038** | 0.158* | 40.80 | 0.93 |
| Resíduo | 78 | 17.15 | 96990.90 | 132.49 | 72.43 | 0.02 | 0.05 | 35.92 | 0.65 |
| Média | | 44.70 | 796.64 | 42.79 | 41.50 | 0.85 | 1.37 | 32.60 | 2.05 |
| Cve (%) | | 9.26 | 39.09 | 26.89 | 20.50 | 18.37 | 16.65 | 18.38 | 39.26 |

¹P100= Peso médio de 100 sementes; PROD= produção de grãos; NFR= número médio de frutos por rácemo; CR= Comprimento médio do rácemo; ALT1= altura média do primeiro rácemo; ALTP= altura média da planta; %Casca = porcentagem de casca; NR= número médio de rácemos por planta.

Tabela 3 – Estimativas da variância fenotípica (σ_f^2), variância genotípica (σ_g^2), variância residual (σ_r^2), herdabilidade com base na média de famílias (h_x^2) e coeficiente de variação genético (CV_g) em famílias S₁ de mamona. Campos dos Goytacazes, 2009.

| SET | Característica | σ_f^2 | σ_g^2 | σ_r^2 | h_x^2 | CV_g |
|-------|----------------|--------------|--------------|--------------|---------|--------|
| SET 1 | P100 | 6,76 | 2,91 | 3,85 | 43,09 | 3,69 |
| | PROD | 190081,56 | 126717,68 | 63363,87 | 66,66 | 30,09 |
| | NFR | 62,49 | 44,47 | 18,02 | 71,16 | 19,77 |
| | CR | 89,70 | 69,54 | 20,16 | 77,52 | 19,23 |
| | ALT1 | 0,02 | 0,01 | 0,007 | 67,09 | 17,34 |
| | ALTP | 0,04 | 0,01 | 0,02 | 43,72 | 9,32 |
| | %Casca | 4,75 | 2,52 | 2,22 | 53,17 | 5,12 |
| | NR | 0,90 | 0,61 | 0,29 | 67,76 | 25,04 |
| SET 2 | P100 | 9,82 | 5,79 | 4,02 | 58,97 | 5,24 |
| | PROD | 133217,80 | 70143,31 | 63074,48 | 52,65 | 27,12 |
| | NFR | 72,77 | 46,77 | 26,00 | 64,26 | 18,85 |
| | CR | 68,86 | 47,33 | 21,52 | 68,73 | 17,06 |
| | ALT1 | 0,012 | 0,001 | 0,01 | 15,48 | 6,13 |
| | ALTP | 0,05 | 0,03 | 0,02 | 58,69 | 13,07 |
| | %Casca | 2,79 | 0,61 | 2,18 | 22,00 | 2,53 |
| | NR | 0,53 | 0,26 | 0,26 | 49,64 | 18,63 |
| SET 3 | P100 | 13,53 | 7,78 | 5,75 | 57,48 | 6,24 |
| | PROD | 53146,64 | 19966,04 | 33180,60 | 37,56 | 17,92 |
| | NFR | 97,78 | 52,52 | 45,25 | 53,71 | 16,90 |
| | CR | 53,80 | 29,07 | 24,73 | 54,03 | 12,97 |
| | ALT1 | 0,01 | 0,004 | 0,008 | 37,13 | 8,20 |
| | ALTP | 0,05 | 0,03 | 0,02 | 67,13 | 13,91 |
| | %Casca | 13,94 | 1,88 | 12,06 | 13,94 | 4,21 |
| | NR | 0,30 | 0,22 | 0,08 | 27,02 | 14,05 |

¹P100= Peso médio de 100 sementes; PROD= produção de grãos; NFR= número médio de frutos por rácemo; CR= Comprimento médio do rácemo; ALT1= altura média do primeiro rácemo; ALTP= altura média da planta; %Casca= porcentagem de casca; NR= número médio de rácemos por planta.

Constata-se grande possibilidade de identificação de genótipos superiores para a característica de maior interesse econômico neste trabalho, PROD, por apresentar ampla variância genotípica σ_g^2 e valor elevado de herdabilidade nos dois primeiros sets. Para essa característica, métodos simples de seleção seriam suficientes para se obterem ganhos satisfatórios. Trabalhos iniciais com a cultura da mamoneira tem aproveitado bastante a variabilidade natural existente nesta cultura, obtendo resultados satisfatórios com métodos simples de seleção, como é o caso dos genótipos Nordestina e Paraguaçu da EMBRAPA selecionadas de populações locais.

A baixa herdabilidade no set 3 pode ser atribuída a influência do ambiente, visto que houve uma grande incidência de mofo cinzento, um dos principais problemas encontrados nesta cultura.

Estimativas das correlações

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A), entre oito características agrônômicas avaliadas em 120 famílias S_1 de mamona em Campos dos Goytacaze, encontram-se Na Tabela 4.

Diferenças de sinais entre as correlações genotípicas e de ambiente indicam que as causas de variação genética e de ambiente influenciam as características por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987), o que significa dizer que características correlacionadas, geneticamente, tem no ambiente um entrave, vez que ao favorecer o incremento de uma, desfavorece aumentos na outra característica, fato não observado entre os pares de características.

Pelas significâncias das correlações genotípicas, percebe-se que 16 pares de características contiveram correlações genotípicas significativas, sendo que, 13 foram positivas (Tabela 4). Correlações genotípicas positivas entre pares de características indicam que a seleção, objetivando aumento de uma delas, provocará o mesmo efeito na outra. Adotando-se como exemplo as maiores magnitudes de correlações genotípicas expressas, pode-se afirmar que maiores ganhos via seleção indireta são possíveis entre PROD e NR, sendo estes resultados semelhantes aos obtidos por Milani et al. (2003), trabalhando com mamona.

Tabela 4 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre oito características agrônômicas avaliadas em 120 famílias autofecundadas de mamoneira.

| Característica 1/ | r | PROD | NFR | CR | ALT1 | ALTP | %Casca | NR |
|----------------------|-------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| P100 | r_F | 0.4720** | -0.0754 | 0.0583 | -0.0654 | 0.5177** | -0.0095 | 0.4019** |
| | r_G | 0.4825** | -0.1246 | 0.0032 | -0.1611 | 0.6574** | -0.0199 | 0.4635** |
| | r_A | 0.4578** | 0.0001 | 0.152 | 0.0499 | 0.3384** | -0.0029 | 0.3067** |
| PROD | r_F | | 0.2145* | 0.3437** | -0.1684 | 0.5186** | 0.0583 | 0.7469** |
| | r_G | | 0.1029 | 0.231** | -0.419** | 0.4167** | 0.2160* | 0.7702** |
| | r_A | | 0.4065** | 0.5566** | 0.1671 | 0.668** | -0.0604 | 0.7063** |
| NFR | r_F | | | 0.5219** | 0.1667 | 0.2412* | 0.2724** | -0.351** |
| | r_G | | | 0.4363** | 0.1457 | 0.1164 | 0.8712** | -0.541** |
| | r_A | | | 0.6885** | 0.1987** | 0.4277** | -0.1829 | -0.0006 |
| CR | r_F | | | | 0.1932** | 0.4061** | -0.0119 | -0.0367 |
| | r_G | | | | 0.1964** | 0.2961** | 0.0521 | -0.1726 |
| | r_A | | | | 0.1949** | 0.5922** | -0.0714 | 0.2376* |
| ALT1 | r_F | | | | | 0.1293 | 0.2543** | -0.262** |
| | r_G | | | | | 0.0383 | 0.6582** | -0.419** |
| | r_A | | | | | 0.2343* | 0.0083 | -0.0424 |
| ALTP | r_F | | | | | | -0.0138 | 0.306** |
| | r_G | | | | | | 0.0459 | 0.223* |
| | r_A | | | | | | -0.0557 | 0.4374** |
| %Casca | r_F | | | | | | | -0.0373 |
| | r_G | | | | | | | -0.1254 |
| | r_A | | | | | | | 0.0326 |

^{1/}P100= Peso médio de 100 sementes; PRD= produção de grãos; NFR= número médio de frutos por ráculo; CR= Comprimento médio do ráculo; ALT1= altura do primeiro cacho; ALTP= altura média da planta; %Casca= porcentagem de casca; NR= número médio de ráculos por planta.

Foram observadas estimativas de correlação positivas e significativas entre PROD com: P100, ALTP, NR, NFR e CR. Estudos realizados por Kumar et al. (2003) e Ramu et al. (2005) observaram correlações alta e positiva entre produção de sementes com número de capsulas do rácemo principal, número de racemos por planta, número de dias para 50% da floração, comprimento efetivo do rácemo principal e peso de 100 sementes.

Índices de Seleção

Na Tabela 5 encontram-se as estimativas dos ganhos percentuais preditos para o índice de seleção Mulamba e Mock (1978) e de Smith (1936) e Hazel (1943), utilizando como pesos econômicos: coeficiente de variação genético (CV_g), desvio-padrão genético (DP_g), herdabilidade (h^2) e pesos atribuídos por tentativas (PA) (50, 200, 100, 100, 1, 1, -10, 100), sendo a seleção praticada nas características peso médio de 100 grãos; produção; número médio de frutos por rácemo; Comprimento médio do rácemo; altura do primeiro cacho; altura da planta; porcentagem de casca e número médio de rácemos por planta.

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), para todos os pesos econômicos, proporcionaram valores simultâneos positivos para as três principais características: produção, número médio de frutos por rácemo e número médio de rácemos por planta. Resultados mais interessantes foi conseguido com o peso econômico DP_g , ao proporcionar ganhos melhor distribuídos entre as características. Neste contexto, DP_g proporcionou ganhos mais elevados para PROD e NR, além de ganho moderado para as demais características.

Pelo índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), os ganhos percentuais preditos foram próximos dos preditos para o índice de seleção Mulamba e Mock (1978), sendo possível prever ganhos simultâneos nas três principais características (PROD, NFR E NR) em todos os pesos econômicos atribuídos. Em todos os pesos econômicos os ganhos previstos foram iguais em todas as características, demonstrando que os valores não foram discrepantes o suficiente para causar mudanças nos ganhos.

Tabela 5- Estimativas dos ganhos percentuais, com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea em oito características de famílias endogâmicas de mamona. Campos dos Goytacazes, 2009.

| Características ^{1/} | Mulamba e Mock | | | | Smith e Hazel | | | | |
|-------------------------------|----------------|-------|----------------|-------|---------------|-------|----------------|-------|-------|
| | CVg | DPg | h ² | PA | CVg | DPg | h ² | PA | |
| SET1 | P100 | 1,97 | 2,32 | 1,28 | 1,96 | 1,66 | 1,66 | 1,66 | 1,66 |
| | PROD | 30,31 | 35,25 | 26,52 | 33,88 | 35,49 | 35,49 | 35,49 | 35,49 |
| | NFR | 16,42 | 11,81 | 18,18 | 14,2 | 8,1 | 8,1 | 8,1 | 8,1 |
| | CR | 8,09 | 4,02 | 10,64 | 6,42 | 0,43 | 0,43 | 0,43 | 0,43 |
| | ALT1 | 7,64 | 0,91 | 6,82 | 6,01 | -1,76 | -1,76 | -1,76 | -1,76 |
| | ALTP | 5,36 | 4,03 | 4,35 | 4,71 | 2,46 | 2,46 | 2,46 | 2,46 |
| | %CASCA | 1,72 | 2,26 | 0,34 | 2,61 | 2,33 | 2,33 | 2,33 | 2,33 |
| | NR | 12,18 | 19,61 | 6,79 | 17,22 | 23,77 | 23,77 | 23,77 | 23,77 |
| SET2 | P100 | 2,85 | 2,49 | 2,85 | 2,52 | 1,34 | 1,86 | 1,34 | 1,34 |
| | PROD | 23,95 | 25,05 | 23,95 | 24,00 | 22,22 | 23,44 | 22,22 | 22,22 |
| | NFR | 12,33 | 8,06 | 12,33 | 10,97 | 11,24 | 8,44 | 11,24 | 11,24 |
| | CR | 13,95 | 8,84 | 13,95 | 13,82 | 9,86 | 7,90 | 9,86 | 9,86 |
| | ALT1 | -0,18 | -0,97 | -0,18 | -0,68 | -1,34 | -0,8 | -1,34 | -1,34 |
| | ALTP | 9,84 | 6,64 | 9,84 | 8,31 | 5,6 | 6,36 | 5,6 | 5,6 |
| | %CASCA | 0,04 | 0,26 | 0,04 | 0,01 | 0,55 | 0,73 | 0,55 | 0,55 |
| | NR | 7,38 | 11,82 | 7,38 | 9,27 | 9,16 | 11,61 | 9,16 | 9,16 |
| SET3 | P100 | 3,69 | 4,03 | 4,22 | 3,59 | 4,82 | 4,82 | 3,65 | 4,82 |
| | PRD | 11,91 | 14,12 | 12,65 | 12,93 | 12,72 | 12,72 | 12,36 | 12,72 |
| | NFR | 6,26 | 4,27 | 5,49 | 6,75 | 3,49 | 3,49 | 6,03 | 3,49 |
| | CR | 5,99 | 0,31 | 5,44 | 6,24 | -1,92 | -1,92 | -0,50 | -1,92 |
| | ALT1 | 2,41 | -0,71 | 1,6 | 0,94 | -0,89 | -0,89 | -0,68 | -0,89 |
| | ALTP | 11,61 | 7,83 | 12,02 | 8,75 | 8,73 | 8,73 | 6,28 | 8,73 |
| | %CASCA | 0,04 | -0,08 | -0,02 | 0,02 | -0,12 | -0,12 | 0,79 | -0,12 |
| | NR | 4,81 | 4,35 | 5,02 | 4,54 | 3,66 | 3,66 | 3,19 | 3,66 |

Pesos econômicos utilizados nos índices de seleção: CV_g = coeficiente de variação genético; DP_g = desvio-padrão genético; CV_g / CV_e = razão CV_g / CV_e; h² = herdabilidade e PA = Pesos atribuídos por tentativas (50, 200, 100, 100, 1, 1, -10, 100). ^{1/}P100= Peso médio de 100 grãos; PROD= produção; FR= número médio de frutos por ráculo; CR= Comprimento médio do ráculo; ALT1= altura do primeiro cacho; LT= altura média da planta; %C= porcentagem de casca; NR= número médio de ráculos por planta.

Pode-se observar na Tabela 6 que as linhas selecionadas pelos métodos foram próximos, diferenciando em poucas linhas. Por apresentar ganhos ligeiramente melhores nas características de interesse, no presente trabalho, optou-se em selecionar as linhas preditas pelo índice de seleção de Mulamba e Mock (1978).

Na Tabela 7 encontram-se as médias das linhas selecionadas. Observa-se que a média da PROD das linhas selecionadas foram satisfatórias, estando acima da média nacional. Menores médias para PROD e RAC foram encontradas no SET 3, sendo este fato devido a alta incidência do mofo cinzento. Estes resultados mostram a importância de se estratificar a área experimental quando esta tem um grande número de tratamentos e a área não é homogênea.

Tabela 6 – Identificação das Linhas selecionadas pelos índices de seleção Mulamba e Mock (1978) e Smith (1936) e Hazel (1943).

| SET | Índice de seleção* | Linhas selecionadas | | | | | | | | | |
|-----|--------------------|---------------------|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|
| 1 | ISH | 4 | 5 | 12 | 13 | 16 | 20 | 21 | 29 | 35 | 39 |
| | IMM | 4 | 5 | 6 | 12 | 13 | 16 | 20 | 21 | 29 | 35 |
| 2 | ISH | 40 | 50 | 51 | 52 | 53 | 55 | 59 | 64 | 65 | 79 |
| | IMM | 50 | 51 | 52 | 53 | 59 | 64 | 65 | 73 | 76 | 79 |
| 3 | ISH | 84 | 86 | 89 | 96 | 97 | 98 | 101 | 112 | 113 | 117 |
| | IMM | 84 | 85 | 86 | 89 | 96 | 97 | 98 | 112 | 113 | 117 |

* IMM = Índice de Seleção Mulamba e Mock (1978); ISH = Índice de Seleção Smith (1936) e Hazel (1943).

Tabela 7 - Médias das linhas selecionadas pelo índice de seleção Mulamba e Mock (1978), Campos dos Goytacazes, 2009.

| SET | Linhas | Características ^{1/} | | | | | | | |
|------|--------|-------------------------------|---------|-------|-------|------|-------|--------|------|
| | | P100 | PROD | NFR | CR | ALT1 | ALTP | %Casca | NR |
| 1 | 4 | 47.03 | 2082.57 | 37.53 | 48.65 | 0.59 | 1.17 | 28.01 | 4.04 |
| | 5 | 47.22 | 1610.66 | 31.16 | 49.31 | 0.76 | 1.57 | 31.2 | 4.67 |
| | 6 | 48.9 | 1394.82 | 44.88 | 52.13 | 0.8 | 1.62 | 30.72 | 2.81 |
| | 12 | 54.04 | 1696.84 | 24.11 | 37.37 | 0.83 | 1.83 | 35.18 | 5.76 |
| | 13 | 48.94 | 1782.43 | 42.37 | 41.6 | 0.63 | 1.73 | 30.95 | 4.17 |
| | 16 | 46.09 | 1786.96 | 50.29 | 57.22 | 0.84 | 1.7 | 30.78 | 3.28 |
| | 20 | 49.54 | 1922.16 | 53.01 | 49.96 | 0.76 | 1.57 | 33.34 | 2.99 |
| | 21 | 46.8 | 1836.73 | 29.29 | 36.04 | 0.82 | 1.45 | 36.21 | 5.08 |
| | 29 | 49.78 | 1920.64 | 50.15 | 50.86 | 0.78 | 1.57 | 35.43 | 3.26 |
| | 35 | 49.15 | 1573.34 | 30.39 | 32.92 | 0.56 | 1.6 | 31.26 | 4.29 |
| | TEST | 46,79 | 1192,81 | 35,67 | 44,26 | 0,71 | 1,61 | 33,91 | 3,08 |
| 2 | 50 | 49.87 | 2117.42 | 56.15 | 49.67 | 0.53 | 1.6 | 34.33 | 3.2 |
| | 51 | 46.52 | 1890.23 | 40.16 | 55.04 | 0.91 | 1.73 | 31.91 | 4.4 |
| | 52 | 43.36 | 1280.33 | 37.64 | 32.21 | 0.6 | 1.28 | 30.24 | 3.53 |
| | 53 | 45.62 | 1506.13 | 48.47 | 51.64 | 0.74 | 1.72 | 31.01 | 2.92 |
| | 59 | 47.19 | 1192.12 | 31.28 | 39.67 | 0.63 | 1.35 | 34.33 | 3.65 |
| | 64 | 51.61 | 1275.07 | 40.12 | 38.58 | 0.59 | 1.7 | 30.39 | 2.83 |
| | 65 | 48.64 | 1170.55 | 42.41 | 53.19 | 0.5 | 1.55 | 32.19 | 2.83 |
| | 73 | 50.12 | 1388.51 | 30.04 | 50.64 | 0.68 | 1.8 | 28.56 | 3.99 |
| | 76 | 47.64 | 1233.68 | 47.25 | 43.8 | 0.62 | 1.58 | 28.07 | 2.45 |
| | 79 | 47.98 | 1358.41 | 34.68 | 40.69 | 0.81 | 1.35 | 32.48 | 4.27 |
| TEST | 45,19 | 840,51 | 28,92 | 34,76 | 0,82 | 1,46 | 30,58 | 2,66 | |
| 3 | 84 | 44.76 | 1029.18 | 59.03 | 41.75 | 0.68 | 1.41 | 30.12 | 1.73 |
| | 85 | 44.34 | 1073.17 | 46.19 | 50.28 | 0.8 | 1.6 | 31.72 | 2.41 |
| | 86 | 48.7 | 1067.23 | 43.76 | 40.45 | 0.8 | 1.27 | 32.34 | 2.47 |
| | 89 | 45.42 | 1051.41 | 56.99 | 42.33 | 0.74 | 1.7 | 32.09 | 2.23 |
| | 96 | 48.97 | 1138.13 | 34.08 | 36.3 | 0.88 | 1.49 | 37.74 | 2.96 |
| | 97 | 49.2 | 1022.91 | 46.91 | 43.44 | 0.74 | 1.52 | 28.93 | 2.07 |
| | 98 | 44.8 | 965.83 | 51.39 | 35.33 | 0.79 | 1.17 | 33.8 | 1.75 |
| | 112 | 48.71 | 1399.35 | 43.28 | 50.49 | 1.04 | 1.48 | 34.36 | 3.06 |
| | 113 | 49.92 | 1089.22 | 47.45 | 43.22 | 0.94 | 1.75 | 31.15 | 2.1 |
| TEST | 46,03 | 1100,1 | 39,79 | 39,80 | 0,80 | 1,43 | 33,30 | 2,83 | |

1/P100= Peso médio de 100 grãos; PRD= produção de grãos; NFR= número médio de frutos por rácemo; CR= Comprimento médio do rácemo; ALT1= altura do primeiro cacho; ALTP= altura média da planta; %Casca= porcentagem de casca; NR= número médio de rácemos por planta; TEST= Testemunha.

RESUMO E CONCLUSÕES

Neste trabalho teve-se por objetivo avaliar e selecionar linhas endogâmicas de mamoneira, provenientes da cultivar Alguarany. A análise de variância permitiu verificar a existência de variabilidade genética entre as linhas, esperando desta forma, selecionar genótipos com alelos favoráveis para as características de interesse.

Com a utilização do índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) selecionaram-se as 30 melhores linhas para serem recombinadas, sendo que o peso econômico que revelou resultado mais interessante para esse índice foi o DPg.

De forma sucinta, com base nos resultados obtidos, tem-se as seguintes conclusões:

- a) houve variabilidade genética em todas as características avaliadas.
- b) estimativa de correlação genotípica significativa positiva ocorreu entre PROD com: P100, ALTP, NR, FR e COMPR.
- c) o uso de índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos nas principais características avaliadas.
- d) a seleção das linhas superiores foi possível com base no índice de Mulamba e Mock (1978), por meio do peso econômico DPg.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.
- Freire, E. C.; Lima, E. F.; Andrade, F. P. de; Milani, M.; Nóbrega, M. B. de M. (2007). Melhoramento genético. *In: Azevedo, D. M. P. de.; Beltrão, N.E. de Macedo (Org.). O agronegócio da mamona no Brasil*. Brasília: Embrapa Algodão,. p.169-194.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics, Austin*, 28:476-490.
- Kumar, A.; Sangwan, R. S.; Jatasra, D. S. (2003) Correlation and path coefficient analysis un castor (*Ricinus communis* L.) under dryland conditions. *Indian Journal of Dryland Agricultural Research and development*, n. 18, v 1, p. 89-91.
- Milani, M.; Dantas, F. V.; Souza, R. L. (2003) Correlação fenotípica entre características de interesse econômico em mamona. *Anais do: 2 CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS*. Porto Seguro, BA. Porto Seguro: SBMP, CD-ROM.
- Mulamba, N. N.; Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol. Alexandria*, 7:40-51.

Myczkowski, M. L.; Zanotto, M. D.; AmaralZ J. G. C. do (2003). Avaliação da variabilidade genética para teor de óleo entre progênies autofecundadas de mamona (*Ricinus cummunis*) da cultivar Guarani. *Anais do: 2 CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS*. Porto Seguro, BA. Porto Seguro: SBMP, CD-ROM.

Nobrega, M. C (2006) *Análise dialélica das capacidades geral e específica de combinação utilizando técnicas uni e multivariadas e divergência genética em mamoneira (Ricinus communis L.)*. Tese (Doutorado em Agronomia) Paraíba - Centro de ciências Agrárias da Universidade Federal da Paraíba.

Ramu, R. Sreedhar, N.; Lavanya, C. (2005) Study of correlation and path analysis in castor (*Ricinus communis L.*). *Research on crops*, n 6, v 1, p. 109-111.

Smith, H. F. (1936) A discriminant function for planta selection. *Ann. Eugen*, 7:240-250.

RESUMO E CONCLUSÕES

Com o objetivo de estudar a interação genótipo por ambiente e avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, para produção de grãos em nove genótipos de mamoneira no Estado do Rio de Janeiro; estudar a diversidade genética entre os genótipos em estudo; acessar o grau de variabilidade no genótipo que apresentou melhor adaptabilidade e estabilidade e selecionar linhas superiores para serem recombinadas, foram instalados oito experimentos no delineamento em blocos casualizados com quatro repetições nas unidades experimentais da PESAGRO-RIO nas cidades de Campos dos Goytacazes, Itaocara e Avelar. Posteriormente, utilizou-se as metodologias de Lin e Binns (1988); Cruz et al. (1989) e; Eherhart e Russel (1966), para estudar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Visando conhecer melhor os genótipos em estudo, avaliaram-se seis características quantitativas no delineamento de blocos casualizados, e utilizou-se metodologias de análise multivariada para conhecer a diversidade genética nos genótipos. Para selecionar linhas superiores para serem recombinadas, autofecundou-se o genótipo Alguarany, que foi uma dos genótipos que obteve melhores resultados, obtendo 120 linhas S_1 que foram avaliadas em blocos casualizados divididos em sets para melhor controle local. Utilizando-se dois índices de seleção, selecionou-se 30 linhas para serem recombinadas.

Com base nos resultados obtidos, pôde-se concluir, de forma sumarizada, que:

- A significância na fonte $G \times A$ confirma a presença da interação genótipos por ambientes.

- O método de Lin e Binns (1988) indicou genótipos mais estáveis e responsivos.

- A metodologia de Lin e Binns (1988) é de grande ajuda para os programas de melhoramento pela sua fácil interpretação e objetividade dos resultados, podendo ser utilizada com maior frequência em futuros experimentos.

- Os genótipos em estudo apresentaram adaptabilidade ampla.

- Houve elevada variabilidade genética entre os genótipos de mamona avaliados.

- Os genótipos Nordeste, IAC 80, Al Guarany, Paraguaçu, Mirante e IAC 226 são promissores para o Norte e Noroeste Fluminense, com expectativa de supremacia nas hibridações entre Al Guarany e Nordeste, Al Guarany e IAC 80, e Nordeste com IAC 80.

- O uso de índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos nas principais características avaliadas.

- A seleção das linhas superiores foi possível com base no índice de Mulamba e Mock (1978), por meio do peso econômico DPg.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allan, G.; Williams, A.; Rabinowicz, P. D.; Chan, A. P.; Ravel, J.; Keim, P. (2008). Worldwide genotyping of castor bean germplasm (*Ricinus communis* L.) using AFLPs and SSRs. *Genetics Resources and Crop Evolution*, Dordrecht, v.55, n.3, p.365-378.
- Allard, R. W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo: Edgard Blucher, 381p.
- Almeida, C. M.; Almeida Neto, J. A.; Pires, M. de M., Rocha, P. K. (2004) A Produção de mamona no Brasil e o Probiodiesel. *Anais do 1º Congresso Brasileiro de Mamona*, Campina Grande. CDROM.
- Amaral Júnior, A. T.(1994) *Análise multivariada e isozimática da divergência genética entre acessos de moranga (Cucurbita maxima Duchesne)*. Viçosa, 95p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – UFV.
- Amaral, J. G. C. (2003) *Variabilidade genética para características agronômicas entre progênies autofecundadas de mamona (Ricinus communis L.) cv Al Guarany 2002*. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas. 59 p.

- Amaral Júnior, A. T.; Thiébaud, J. T. L. (1999) *Análise multivariada na avaliação da diversidade em recursos genéticos vegetais*. Campos dos Goytacazes - Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, CCTA, 55 p.
- Azzini, A.; Salgado, A. L. B.; Savy Filho, A.; Banzatto, N. V. (1980) Restos vegetais da cultura da mamona como matéria-prima para celulose. *Bragantia*, vol. 40, p. 115-124.
- Azzini, A.; Savy Filho, A.; Salgado, A. L. B.; Arnaldi, F. Z. (1984) Deslignificação dos resíduos agrícolas da cultura da mamona para produção de celulose e papel. *Bragantia*, vol. 43 (2): 519-530.
- Bahia, H. F.; Silva, S. A.; Fernandez, L. G.; Ledo, C. A. S.; Moreira, R. F. C. (2008). Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. *Pesquisa Agropécuaria Brasileira*, Brasília, v.43, n.3, p.357-362.
- Banzatto, N. V.; Rocha, J. L. V.; Canecchio Filho, V. (1963) Transferência do caráter indeiscência para a cultivar IAC-38 de mamoneira. *Bragantia*, Campinas, v. 22, n. 23, p. 291-298.
- Banzatto, N. V.; Canecchio Filho, V.; Savy Filho, A. (1977) *Guarani* – nova cultivar de mamoneira. *Circular*, 66, Campinas, Instituto Agrônômico, 1977. 7p.
- Beltrão, N. E. M. (2003) Informações sobre o Biodiesel, em especial feito com o óleo de mamona. *Comunicado Técnico*. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 2003, 3 p. (CT - 177).
- Beltrão, N. E. M. (2004) A Cadeia da Mamona no Brasil, com Ênfase para o Segmento P&D: Estado da Arte, Demandas de Pesquisa e Ações Necessárias para o Desenvolvimento. *Documentos Embrapa Algodão*, Campina Grande, 19 p. (Documento 129).
- Beltrão, N. E. M. (2006a) A cadeia da mamona no Brasil, com ênfase para o segmento P&D: Estado da arte, demandas de pesquisa e ações necessárias

para o desenvolvimento e ações de fomento. *Anais do 3º Congresso Brasileiro plantas oleaginosas, óleos, gorduras e Biodiesel - "Biodiesel: Evolução Tecnológica e Qualidade"*, Varginha, CD-Rom.

Beltrão, N. E. M. (2006b) O clima e seus efeitos na floração e capacidade de produção da mamoneira. Considerações preliminares. *Anais do 3º Congresso Brasileiro plantas oleaginosas, óleos, gorduras e Biodiesel - "Biodiesel: Evolução Tecnológica e Qualidade"*, Varginha, CD-Rom.

Beltrão, N. E. M.; Azevedo, D. M. P (2007) Fitologia. In: Azevedo, D. M. P.; Beltrão, N. E. M (Ed). *O agronegócio da mamona no Brasil*. Campina Grande: Embrapa Algodão. p 117-137.

BiodieselBR (2006) Tudo sobre a Mamona <http://www.biodieselbr.com/plantas/mamona/index.htm> - em 20/06/2006.

Borém, A.; Miranda, G. V. (2005) *Melhoramento de plantas*. 4ª ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 525 p.

Borém, A.; Miranda, G. V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5ª edição, Viçosa, MG: Ed. UFV. 529p.

Brasil, E. M.; Chaves, L. J. (1994) Utilizacion de um modelo cuadratico para el estudio de la respuesta de cultivares a la variacion ambiental. *In: Congreso Latinoamericano de genética*, 11, Monterrey, 1994. Memórias. Monterrey: Asociacion Latinoamericana de Genetica, p.616.

Carneiro, P. C. S. (1998) *Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. Tese (Doutorado), Viçosa: UFV, 168p.

Carvalho, B. C. L. (2005) *Manual de cultivo da mamona*. Salvador: EBDA, 65p.

- Carvalho, S. I. C.; Bianchetti, L. B.; Bustamante, P. G.; Silva, D. B. (2003) *Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (Capsicum spp.) da Embrapa Hortaliças*. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2003. 49p. (Embrapa Hortaliças. Documentos, 49).
- Cavalcante, M.; Paixão, S. L.; Ferreira, P. V.; Madalena, J. A. S; Costa, J. G. (2008). Divergência genética entre acessos de mamona em dez municípios de Alagoas. *Revista Caatinga*, Mossoró, v.21, n.3, p.111-115.
- Chaves, L. J.; Vencovsky, R.; Geraldi, I. O. (1989) Modelo não-linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.24, n.2, p.259-268.
- Corrêa, L. V. T.; Mendes, A. N. G.; Bartholo, G. F. (2005) Comportamento de progênies de cafeeiro Icatu. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 30, n 4, p. 618-622.
- Costa, M. N; Pereira, W. E.; Bruno, R. L. A.; Freire, E. C.; Nóbrega, M. B. M.; Milani, M; Oliveira, A. P. (2006). Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.41, n.11, p.1617-1622.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa Genes: Versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 648p.
- Cruz, C.D. (2008) *Programa Genes diversidade genética*. Viçosa: UFV, 278p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.
- Cruz, C. D.; Torres, R. A. A.; Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, v.12, n.2, p. 567-580.

- Daher, R. F., Pereira, M. G., Amaral Júnior, A. T. do, Pereira, A. V., Lédo, F. J. da S., Daros, M. (2003) Estabilidade da produção forrageira em clones de capim- elefante (*pennisetum purpureum* Schum.). *Ciênc. Agrotec.*, 27 (4): 788-797.
- Daros, M.; Amaral Júnior, A. T. do (2000) Adaptabilidade e estabilidade de produção de *Ipomoea batatas*. *Acta Scientiarum*, v. 22, n4, p. 911-917.
- Drumond, M. A.; Silva, A. F.; Anjos, J. B.; Milani, M.; Suassuna, T. M. F.; Nóbrega, M. B. M. (2004) Avaliação de variedades de mamoneira no município de Petrolina- PE. I Congresso Brasileiro de Mamona, Campina Grande – PB. CDRROM.
- Eberhart, S. A., Russel, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6 (1): p.36-40.
- Embrapa (2006) Mamona, <http://www.cnpa.embrapa.br/produtos/mamona/index.html> em 20/06/2006.
- Falconer, D. S.(1981) *Introduction to Quantitative Genetics*. 2 edição. Longman group Limited, New York, 340 p.
- FAO 2008. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org>>. Acesso em: 2 de Janeiro, 2009.
- Farias, F. J. C.; Ramalho, M. A. P.; Carvalho, L. P.; Moreira, J. A. N.; Costa, J. N. (1997) Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.32, p.407-414.
- Figueiredo Neto, A; Almeida, F. de A. C.; Gouveia, J. P. G. de; Nóbrega, M. B. M.; Carneiro, R. M.; Pedroza, J. P.(2004). Divergência genética em acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) baseada nas características de semente. *Revista de Biologia e Ciência da Terra*, Campina Grande, v.4, n.2, p.4: 1-10

- Finlay, K. W., Wilkinson, G. N. (1963) The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14 (6): 742-754.
- Freire, R. M. M.; Severino, L. S.; Machado, O. L. T.(2006) Ricinoquímica e co-produtos. *In: Azavedo, D. M. P.; Beltrão, N. E. M. (eds). Agronegócio da mamona no Brasil*. 2 ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2006. p.501-529
- Freire, E. C.; Lima, E. F.; Andrade, F. P. de; Milani, M.; Nóbrega, M. B. de M. (2007). Melhoramento genético. *In: Azevedo, D. M. P. de.; Beltrão, N.E. de Macedo (Org.). O agronegócio da mamona no Brasil*. Brasília: Embrapa Algodão,. p.169-194.
- Geraldi, I. O. (2005) Porque realizar seleção Recorrente?. *Anais do IV Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas: Seleção recorrente no melhoramento de plantas no Brasil e no mundo*. UFLA-Lavras, p. 1-8.
- Gomes, F. P. (2000) Curso de Estatística Experimental, 14^a. ed., Piracicaba, 477p.
- Gonçalves, L. S. A. ; Rodrigues, Rosana ; Amaral Junior, A. T. ; Karasawa, M.(2008).Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v.7, n.4, p.1289-1297, 2008.
- Gonçalves, N. P.; Faria, M. A. V. R.; Saturnino, H. M.; Pacheco, D. D. (2005) Cultura da mamoneira. *Informe agropecuário*, EPAMIG, v26, n. 229, p. 28-32.
- Govaerts, R; Frodin, D. G; Radcliffe-Smith, A. (2000). *World checklist and bibliography of Euphorbiaceae (with Pandaceae)*. Redwood Books Limited, Trowbridge, Wiltshire.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics, Austin*, 28:476-490.

- HUEHN, M. (1990) Nonparametric measures of phenotypic stability. Part I: theory. *Euphytica*. v.47, p.189-194.
- INTERNATIONAL CASTOR OIL ASSOCIATION. (2008). The chemistry of castor oil and its derivatives and their applications. Disponível em: <<http://www.icoa.org/bull2.htm>>. Acesso em: 20 dezembro, 2008.
- Krieger, M.; Zanotto, M. D.; Myczkowski, M. L.; Vencosvky, R. (2006) Efeito da endogamia em progênies de mamona (*Ricinus communis*). *2º Congresso Brasileiro de mamona*, Aracaju-SE, CD-Rum.
- Krug, C. A.; Mendes, P. T. (1942a) Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.). I. Plano geral dos trabalhos em execução nas Seções de Genética e Plantas Oleaginosas do Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, v. 2, n. 5, p. 129-154.
- Krug, C. A.; Mendes, P. T. (1942b) Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.). II. Observações gerais sobre a variabilidade do gênero *Ricinus*. *Bragantia*, Campinas, v. 2, n. 5, p. 155-157.
- Lavoranti, O. J. (2003) *Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "BOOTSTRAP" no modelo AMMI*. Tese (Doutorado em agronomia, área de concentração: Estatística e experimentação agrônoma), ESALQ, 166 p.
- Lédo, F. J. da S.; Botrel, M. de A.; Evangelista, A. R.; Viana, M. C. M.; Pereira, A. V.; Sobrinho, F. de S.; Oliveira, J. S.; Xavier, D. F.; Heinemann, A. B. (2005) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de alfafa avaliadas em Minas Gerais. *Ciência e Agrotecnologia*. Lavras, v. 29, n 2, p. 409-414.
- Lin, C. S.; Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v.68, p.193-198.

- Magari, R.; Kang, M. S. (1997) SAS STABLE: stability analysis of balanced and unbalanced data. *Agronomy Journal*, v. 89, n.5, p. 929-932.
- Mendes, R. A. (2005) *Diagnóstico, Análise de Governança e Proposição de Gestão para a Cadeia Produtiva do Biodiesel da Mamona (CP/BDM): o Caso do Ceará*. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Transportes), Universidade Federal do Ceará, 159 p.
- Meyer, A. S. (2002) *Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes*. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Piracicaba, SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ/USP, 106p.
- Mingoti, S. A. (2007). *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada*. Belo Horizonte: Editora UFMG, 297p.
- Mohammadi, S. A.; Prasanna, B. M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants – salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, Madison, v.43, n.4, p.1235-1248.
- Mulamba, N. N.; Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt J. Gen. Cytol.* Alexandria, 7:40-51.
- Myczkowski, M. L.; Zanotto, M. D.; AmaralZ J. G. C. do (2003). Avaliação da variabilidade genética para teor de óleo entre progênies autofecundadas de mamona (*Ricinus cummunis*) da cultivar Guarani. *Anais do: 2 CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS*. Porto Seguro, BA. Porto Seguro: SBMP, CD-ROM.
- Nobrega, M. C (2006) *Análise dialéctica das capacidades geral e específica de combinação utilizando técnicas uni e multivariadas e divergência genética em*

mamoneira (Ricinus communis L.). Tese (Doutorado em Agronomia) Paraíba - Centro de ciências Agrárias da Universidade Federal da Paraíba.

Paula, T. O. M de (2009) *Adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e otimização experimental em milho pipoca*. Tese (Mestrado) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF.

Peres, J. R. R.; Freitas Junior, E.; Gazzoni, D. L. (2005) Biocombustíveis: Uma oportunidade para o agronegócio brasileiro. *Revista de Política Agrícola*, Ano XIV, n.5, p. 31-41.

Perkins, J. M.; Jinks, J. L. (1968) Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. *Heredity*, v.23, n.3, p. 339-356.

Pina, M.; Severino, L. S.; Beltrão, N. E. M.; Villeneuve, P.; Lago, R. (2005) Novas alternativas de valorização para dinamizar a cultura da mamona no Brasil. *Cadernos de Ciência & Tecnologia*, Brasília, v. 22, n. 2, p. 453-462.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. (2006) *A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. Capturado em 13 de mar. de 2008. Online. Disponível na Internet: <http://www.r-project.org>.

Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B. dos; Zimmermann, M. J. O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: Editora da UFG, 271p.

Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B. dos; Pinto, C. A. B. P. (2000) *Genética na agropecuária*. Lavras: UFLA, 472 p.

- Rao, A. V.; Prasad, A. S. R.; Saikrishna, T.; Sechu, D. V.; Srinivasan, T. E. (1981) Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *The Indian Journal of Genetic Plant Breeding* 41:179-185.
- Rocha, M. C.; Gonçalves, L. S. A.; Corrêa, F. M.; Rodrigues, R.; Silva, S. L.; Abboud, C. S.; Carmo, M. G. F. (2009) Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.39, n.3, p664-670.
- Rocha, M. M.; Vello, N. A. (1999) Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia*, v.58, n.1, p.69-81.
- Rosse, L. N.; Vencovsky, R. (2000) Modelo de regressão não-linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. *Bragantia*, v.59, n.1, p.99-107.
- Rossmann, H. (2001) *Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos*. Tese (Mestrado em Agronomia, área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas) – Piracicaba – SP, ESALQ, 80 p.
- SAS INSTITUTE. *SAS/STAT user's guide*. Cary: Statistical Analysis System Institute. 1990. 956p.
- Savy Filho, A. (1999 a) Melhoramento da Mamona. In: Borém, Aluizio. (Org.). *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Viçosa, MG: UFV, p. 385-407.
- Savy Filho, A. (1999 b) Hibridação em mamona. In: Borém, A. (Ed) *Hibridação artificial de plantas*. Viçosa, MG: UFV, 1999, p. 331-342.
- Savy Filho, A. (2005) *Mamona tecnologia agrícola*. Campinas: EMOPI, 105p.

- Savy Filho, A.; Banzatto, N. V. (1993) Mamona. In: Furlani, A. M. C.. (Org.). *Melhoramento de plantas do instituto Agrônômico*, vol. I. Campinas: Instituto Agrônômico, Fundação Cargill, v. 1, p. 315-353.
- Savy Filho, A.; Banzatto, N. V.; Veiga, R. F. A.; Campana, M. P.; Pettinelli Junior, A. (1990) Novo cultivar de mamona: IAC-226 (Tarabay). *Bragantia*, Campinas, 49(2): 269-280.
- Scott, A. J.; Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, v. 30, n. 3, p. 507-512.
- Severino, L. S. (2005) O Que Sabemos sobre a Torta de Mamona. *Documentos Embrapa Algodão*, Campina Grande, 31 p. (Documento134).
- Severino, L. S.; Silva, M. I. L.; Farias, V. A.; Beltrão, N. E. M; Cardoso, G. D (2005) Expressão Sexual da Mamoneira Influenciada por Adubação e Cloreto de Mepiquat. EMBRAPA ALGODÃO (Campina Grande, PB). 18p (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 60).
- Shimoya, A.; Cruz, C. D.; Ferreira, R. P.; Pereira, A. V.; Carneiro, P. C. S.(2002). Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.37, p.971-980.
- Shukla, G. K. (1972) Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, v.29, n.2, p. 237-245.
- Silva, J. G. C. (1998) Análise da adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.33, n.7, p.1013-1029.
- Silva, J. G. C.; Barreto, J. N. (1986) An application of segmented linear regression to the study of genotypes environment interaction. *Biometrics*, v.41, n.4, p. 1093.

- Silva, L. C.; Lima, E. F.; Azevedo, D. M. P. (1998) Nova cultivar de mamona, BRS 149 (Nordestina), e seu sistema de produção. *Comunicado Técnico Embrapa algodão*, Campina Grande. 4 p. (Comunicado técnico, 91).
- Smiderle, O. J. (2004) A mamona que pode gerar emprego e renda. *A Lavoura*. Nº651, p.31-33.
- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for planta selection. *Ann. Eugen*, 7:240-250.
- Sneath, P. H. A.; Sokal, R.R. (1973) *Numerical taxonomy*. San Francisco, W.R. Freeman, 573p.
- Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, Berlin, v.11, n.1, p.30-40.
- Storck, L.; Vencovsky, R. (1994) Stability analysis on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. *Revista Brasileira de Genética*, v.17, n.1, p.75-81.
- Sudré, C. P, Rodrigues, R., Riva, E. M., Karasawa, M., Júnior, A. T. A. (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizado técnicas multivariadas. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.23, n.1, p 22-27.
- Sudré, C. P ; Leonardecz, E.; Rodrigues, R. ; Amaral Júnior, A. T. ; Moura, M. C. L. ; Gonçalves, L. S. A. (2007). Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.25, n.4, p.496-503, 2007.
- Tai, G. C. C. (1971) Genotypic stability analyses and its application to potato regional trials. *Crop Science*, v.2, n.2, p. 184-194.

- Takano, E. H.; Busso; C.; Gonçalves, E. A. L.; Chierice, G. O.; Catanzaro-Guimarães, S. A.; Castro-Prado, M. A. A. (2007). Inibição do desenvolvimento de fungos fitopatogênicos por detergentes derivado de óleo da mamona (*Ricinus communis*). *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.5, p.1235-1240, 2007.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., Murty, B. R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theor. Appl. Genet*, 53: 89-91.
- Zanotto, M. D.; Amaral, J. G. C., Poletine, J. P. (2004) Seleção recorrente com utilização de progênies autofecundadas para diminuição da altura de plantas de mamona (*Ricinus communis* L.) população Guarani Comum. *Anais do 1º Congresso Brasileiro de mamona, energia e sustentabilidade*, Campina Grande - PB, CD-Rom.