

**UFRRJ**

**INSTITUTO DE AGRONOMIA**

**CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**DISSERTAÇÃO**

**Estimação de parâmetros genéticos e de diversidade em pinhão-  
manso (*Jatropha curcas L.*) quanto à arquitetura de plantas com  
variáveis obtidas via análise de imagens digitais**

**Daniel Zimmermann Mesquita**

**2015**



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO**  
**INSTITUTO DE AGRONOMIA**  
**CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E DE DIVERSIDADE**  
**EM PINHÃO-MANSO (*JATROPHA CURCAS L.*) QUANTO À**  
**ARQUITETURA DE PLANTAS COM VARIÁVEIS OBTIDAS VIA**  
**ANÁLISE DE IMAGENS DIGITAIS**

**DANIEL ZIMMERMANN MESQUITA**

*Sob a Orientação do Professor*

**Pedro Corrêa Damasceno Júnior**

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Ciências no Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia.**

Seropédica, RJ  
Julho de 2015

633.85

M582e

T

Mesquita, Daniel Zimmermann, 1987-

Estimação de parâmetros genéticos e de diversidade em pinhão-manso (*Jatropha Curcas* L.) quanto à arquitetura de plantas com variáveis obtidas via análise de imagens digitais / Daniel Zimmermann Mesquita. - 2015.

91 f.: il.

Orientador: Pedro Corrêa Damasceno Júnior.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia.

Bibliografia: f.69-80.

1. Pinhão-manso - Teses. 2. Pinhão-manso - Genética - Teses. 3. Pinhão-manso - Melhoramento genético - Teses. 4. Biodiesel - Teses. 5. Imagens digitais - Teses. I. Damasceno Júnior, Pedro Corrêa, 1973-. II. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia. III. Título.

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO  
INSTITUTO DE AGRONOMIA  
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**DANIEL ZIMMERMANN MESQUITA**

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Ciências**  
no **Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia**

DISSERTAÇÃO APROVADA EM: 09/07/2015

---

Pedro Corrêa Damasceno Júnior. D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas. UFRRJ.  
(Orientador)

---

Antônio Carlos de Souza Abboud. Ph.D. UFRRJ

---

Maria Luíza de Araújo. D.Sc. Agronomia (Melhoramento Vegetal). PESAGRO/RJ

## **AGRADECIMENTOS**

Aos meus pais Paulo Roberto e Maria Inez, pelos ensinamentos e lições ao longo desta caminhada;

Aos demais familiares, pela força e incentivo nos momentos difíceis;

À minha noiva Sabrina, com quem amo partilhar a vida;

Ao Professor orientador Pedro Corrêa Damasceno Júnior, pelo profissionalismo e paciência na condução deste trabalho;

Aos colegas do Laboratório de Biologia Molecular / Marcadores Moleculares do Departamento de Fitotecnia pertencente ao Instituto de Agronomia da UFRRJ;

Aos membros da banca examinadora, pelas sugestões de melhoria no trabalho.

## RESUMO

MESQUITA, Daniel Zimmermann. **Estimação de parâmetros genéticos e de diversidade em pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) quanto à arquitetura de plantas com variáveis obtidas via análise de imagens digitais.** 2015. 80p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2015.

A pesquisa por fontes renováveis de energia, como o biodiesel e o etanol, é uma tendência crescente no Brasil e no mundo devido aos menores impactos ambientais causados. Dentre as espécies vegetais disponíveis para pesquisa, destaca-se o pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), que se trata de uma espécie perene, caducifólia e com grande potencial para produção de biodiesel, devido a suas características de produção e qualidade de óleo. Porém, até o momento não há cultivares disponíveis para o plantio, por isso a necessidade de pesquisa básica e aplicada. Neste sentido, é importante conhecer o comportamento de genótipos e de diversas variáveis estimadas na cultura, dentre estas cita-se às relacionadas a arquitetura de planta. Assim, o objetivo deste trabalho foi realizar um estudo detalhado das características referentes à arquitetura de plantas, visando conhecer a diversidade entre e dentro de 10 famílias de meios-irmãos de pinhão-manso pertencentes à Coleção de Germoplasmas da UFRRJ, através da análise digital de imagens. Os tratamentos (famílias) foram dispostos em delineamento inteiramente casualizado, com 15 repetições (plantas). Efetuou-se a captura das imagens, na mesma escala métrica, no momento em que as plantas encontravam-se em seu período caducifólio, e posteriormente, através do Programa *ImageJ*, as imagens foram processadas. Estimou-se as seguintes variáveis relacionadas a arquitetura de planta: altura das plantas (ALT), diâmetro do caule (DBC), diâmetro de copa (DCO), , número de ramos aos 50 cm de altura (NR50), ângulo de abertura do dossel (AAB), número de bifurcações totais na planta (NBI), média da altura das bifurcações (MAB), número de ramos acima (NRAcMab) e abaixo (NRAbmab) de MAB, somatório do comprimento dos ramos (SCR) e área plana da planta (APL). Estimou-se também, no campo, o número de frutos (NFR) e sementes (NSE), peso médio de sementes (PMS) e produção de grãos por planta (PGP), sendo que estas foram utilizadas apenas nas análises de correlação com as variáveis referentes à arquitetura de planta. A partir destes dados realizaram-se análises de variância, correlações, estimação de parâmetros genéticos e análises da diversidade. Apenas a variável número de ramos a 50 cm (NR50) não foi estatisticamente diferente entre as progênies avaliadas. As variáveis ALT,

DCO, NBI, NRAcmb, NRAbmb, SCR e APL apresentaram maior influência genética em detrimento da ambiental, o que justifica a seleção nestas características. A produção de grãos por planta (PGP) teve baixa correlação com todas as variáveis analisadas, sendo que SCR e NRAcmb apresentaram os maiores valores, respectivamente de 0,24 e 0,20. A diversidade genética estimada entre famílias foi mediana, variando entre 0,4 e 0,6. A diversidade dentro de famílias foi mediana a baixa, havendo famílias com estimativas superiores a 0,6 e inferiores a 0,4, respectivamente, para as famílias 858, 355 e 869, e 346, 383 e 872. O número de bifurcações (NBI), a área plana da planta (APL) e o somatório do comprimento dos ramos (SCR) foram as características mais importantes na estimação da diversidade no presente trabalho, com a contribuição de respectivamente 30,55%, 22,29% e 10,65%. A família 872 apresentou aspectos favoráveis relacionados à arquitetura de plantas, como média alta no número de bifurcações (NBI), bem como, de forma geral, a maior distância genética entre as demais famílias. Portanto, mediante avaliação prévia para comprovação do potencial produtivo, genótipos da família 872 poderão ser envolvidos em cruzamentos quando se pretende explorar a heterose na cultura.

**Palavras-chave:** Melhoramento de plantas, biodiesel, diversidade genética.

## ABSTRACT

MESQUITA, Daniel Zimmermann. **Estimation of genetic parameters and diversity in *Jatropha curcas L.* as the plant architecture with values obtained by digital image analysis.** 2015. 80p. Dissertation (Master Science in Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2015.

The search for renewable energy sources such as biodiesel and ethanol, is a growing trend in Brazil and in the world due to lower environmental impacts. Among the plant species available to search, highlight the physic nut (*Jatropha curcas L.*), that it is a perennial species, deciduous and with great potential for biodiesel production due to their production characteristics and quality of oil. However, to date there is no available cultivars for planting, so the need for basic and applied research. Therefore, it is important to know the behavior of genotypes and several variables estimated in the culture, among these quotes to the related plant architecture. The objective of this study was a detailed study of the characteristics related to plant architecture, in order to know the diversity within and among 10 families of jatropha half brothers belonging to the Germplasm Collection UFRRJ through digital analysis images. The treatments (families) were arranged in a randomized design, with 15 replications (plants). Made to capture images, in the same measuring scale at the time the plants were in his deciduous period and subsequently through ImageJ software, the images were processed. It estimated the following variables related to plant architecture: plant height (ALT), stem diameter (DBC), crown diameter (DCO), number of branches to 50 cm (NR50), opening angle Canopy (AAB), the total number of forks in the plant (NBI), the average height of the forks (MAB), number of branches above (NRAcmab) and below (NRAbmab) of MAB, the sum length of the branches (SCR), area of the plant (APL). It was estimated also in the field, the number of fruits (NFR) and seeds (NSE), average seed weight (PMS) and grain yield per plant (PGP), and these were used only in correlation analysis with variables related to plant architecture. From these data were carried out analysis of variance, correlation, estimation of genetic parameters and analysis of diversity. Only the variable number of branches to 50 cm (NR50) was not statistically different between the evaluated progenies. ALT variables, DCO, NBI, NRAcmab, NRAbmab, SCR and APL had greater genetic influence at the expense of environmental, justifying the selection of these characteristics. The grain yield per plant (PGP) had low correlation with all variables, with SCR and NRAcmab showed the highest values respectively 0.24 and 0.20. The genetic diversity was estimated between families



median ranging between 0.4 and 0.6. The diversity within families was medium to low with estimates families with more than 0.6 and less than 0.4, respectively, to the families 858, 355 and 869, and 346, 383 and 872. The number of bifurcations (NBI), the flat area of the plant (APL) and the sum of the length of the branches (SCR) were the most important features in the estimation of diversity in this study, with the contribution of respectively 30.55%, 22.29% and 10, 65%. The family 872 showed favorable aspects related to plant architecture, such as the high average number of bifurcations (NBI) and, in general, the greatest genetic distance between the other families. Therefore, prior assessment for evidence of productive potential, family genotypes 872 may be involved in crosses when you want to explore heterosis culture.

**Keywords:** Plant Breeding, biodiesel, genetic diversity.

## ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1:** Imagem da planta pertencente a família 346 mostrando no canto direito inferior a escala para calibração (A); Imagem referente ao resultado do processamento e binarização da planta apresentada ao lado na mesma Figura (B).....26
- Figura 2.** Dispersão entre 10 famílias de meios-irmãos com base em características relacionadas à arquitetura de planta estimada por variáveis canônicas.....54
- Figura 3.** Contribuição relativa, baseada na proposta de Singh (1981), de 11 variáveis na diversidade genética entre 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta.....56
- Figura 4.** Gráfico indicando o número de grupos ótimos formados em um dendrograma UPGMA, com base em 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas estimadas em 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta com base na metodologia de Kelley *et al.* (1996). O menor valor de kgsUPGMA corresponde ao número de grupos formados no eixo x.....58
- Figura 5.** Hierarquização com base na distância generalizada de Mahalanobis, agrupada pelo método UPGMA entre 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta, estimada com base em 11 variáveis relacionados à arquitetura de plantas.....59
- Figura 6.** Índices de diversidade obtidos via algoritmo ANOSIM (CLARKE & GREEN, 1988) entre e dentro de 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta estimada a partir de 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas.....60

## ÍNDICE DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Proporções de tipos de arquitetura de planta e tipos de ramificação dentro de 10 famílias de meios-irmãos de <i>Jatropha curcas</i> L.....	31
<b>Tabela 2.</b> Análise de Variância com dados transformados de 11 características vegetativas em 150 genótipos de <i>Jatropha curcas</i> L.....	34
<b>Tabela 3.</b> Tabela de Comparação de Médias para 11 características vegetativas entre 10 famílias de meios-irmãos de <i>Jatropha curcas</i> L. pelo Teste de Tukey ao nível de 5 % de probabilidade.....	36
<b>Tabela 4.</b> Matriz de correlações entre as 15 variáveis analisadas ( 4 reprodutivas e 11 vegetativas) encontrada em 150 genótipos de 10 famílias de meios-irmãos da Coleção de Germoplasma de <i>Jatropha curcas</i> da UFRRJ.....	38
<b>Tabela 5.</b> Variáveis canônicas estimadas a partir de 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas obtidas em 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta.....	53
<b>Tabela 6.</b> Contribuição relativa, baseada na proposta de Singh (1981), de 11 variáveis na diversidade genética entre 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta.....	55
<b>Tabela 7.</b> Grupos estabelecidos a partir da distância generalizada de Mahalanobis pelo método de agrupamento de Tocher, com base em 11 características relacionadas à arquitetura de plantas, estimadas em 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta.....	57

## ÍNDICE DE QUADROS

**Quadro 1.** Produção de Biodiesel B100 (milhares de bep\*) estimada a partir de janeiro de 2006 a dezembro de 2014.....5

**Quadro 2.** Esquema da análise de variância para as características aqui avaliadas em *Jatropha curcas*.....28

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>1</b>
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>3</b>
2.1. Produção de biodiesel no Brasil e no mundo.....	3
2.2. Descrição Geral de <i>Jatropha curcas</i> L.....	6
2.2.1. Aspectos Botânicos .....	6
2.2.2. Aspectos Agronômicos.....	7
2.3. Modo de reprodução em <i>Jatropha curcas</i> .....	10
2.4. Melhoramento genético do pinhão-manso.....	11
2.5. Arquitetura de plantas.....	14
2.5.1 Aspectos Morfológicos.....	14
2.5.2 Aspectos Fisiológicos.....	16
2.5.3 Controle Genético.....	18
<b>CAPÍTULO I.....</b>	<b>21</b>
Resumo.....	21
Abstract.....	22
1. Introdução.....	23
2. Material e Métodos.....	25
2.1. Local do desenvolvimento das atividades e material vegetal.....	25
2.2. Condições de plantio e delineamento experimental.....	25
2.3. Captura, processamento e preparo das imagens digitais para análise.....	25
2.4. Análise das imagens digitais processadas e obtenção das variáveis.....	26
2.5. Análises estatísticas.....	27
2.6. Classificação quanto à arquitetura de planta e tipo de ramificação.....	29
3. Resultados e Discussão.....	30
4. Conclusão.....	41
5. Referências Bibliográficas.....	42
<b>CAPÍTULO II.....</b>	<b>45</b>
Resumo.....	45
Abstract.....	46
1. Introdução.....	47
2. Material e Métodos.....	49
3. Resultados e Discussão.....	52
4. Conclusão.....	62
5. Referências Bibliográficas.....	63
<b>3. CONCLUSÕES GERAIS.....</b>	<b>68</b>
<b>4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>69</b>

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O estudo das diferentes variáveis relacionadas com a arquitetura da planta em uma espécie vegetal é uma importante ferramenta em um programa de melhoramento de plantas. Através da avaliação destas características é possível se obter informações importantes sobre a variabilidade genética existente para arquitetura de plantas, como por exemplo, abertura de copa, número de ramos produzidos, área estimada da copa e número de bifurcações. As características arquitetônicas estruturais das plantas são fixadas geneticamente, podendo apresentar também certa plasticidade fenotípica em resposta às variações ambientais, bióticas e abióticas.

Em uma mesma espécie, diferentes padrões arquitetônicos podem diferenciar as plantas quanto a sua capacidade de interceptação da luz solar e conseqüentemente afetará a fotossíntese líquida. Outros fatores também serão influenciados pelo tipo de ramificação de cada planta como, por exemplo, espaçamento, controle de ervas daninhas e propagação de doenças.

Atualmente, a necessidade por fontes renováveis de energia se faz cada vez maior devido aos baixos impactos ambientais e menores níveis de emissão de poluentes. Desta maneira, a demanda por biocombustíveis como o etanol e o biodiesel está aumentando consideravelmente. Segundo a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP, 2015), a produção de biodiesel no Brasil passou de 736 m<sup>3</sup> em 2005 para 3.419.838 m<sup>3</sup> em 2014.

O Brasil tem um grande potencial para o cultivo de espécies oleaginosas na qual se destacam o dendê (*Elaeis guineensis*), a palma (*Elaeis oleifera*), o algodão (*Gossypium hirsutum*), o amendoim (*Arachis hypogaea*), a colza (*Brassica campestris*), a canola (*Brassica napus*), a soja (*Glycine max*), o babaçu (*Orbignya martiana* e *O. Oleifera*), o coco (*Cocos nucifera*), o girassol (*Helianthus annuus*), o gergelim (*Sesamum indicum*), a linhaça (*Linum usitatissimum*), a macaúba (*Acrocomia sclerocarpa* e *A. Intumescens*), o buriti (*Mauritia flexuosa* e *M. Vinifera*), o nabo forrageiro (*Raphanus sativus*), o pinhão-manso (*Jatropha curcas*) (DAMASCENO JUNIOR & REIS, 2012) e também a mamona (*Ricinus communis*).

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), pertencente à família das *Euphorbiaceae*, é uma espécie perene cujo teor de óleo na semente em genótipos da Coleção de Germoplasma de *J. curcas* da UFRRJ variou de 24 a 44% (DAMASCENO JUNIOR & REIS, 2012). Akbar

*et al.* (2009), em pesquisa com genótipos de pinhão-manso da Malásia, encontraram teor de óleo na semente de até 63,16%. Ainda de acordo com estes autores, o óleo de *Jatropha curcas* apresentou boas propriedades físico-químicas como índice de iodo, índice de saponificação, densidade e viscosidade, podendo ser útil como matéria-prima na produção de biodiesel. Parthiban *et al.* (2011), avaliaram várias características físico-químicas de genótipos de *Jatropha curcas L.* de diferentes localidades da Índia e Zimbábue, como peso específico, índice de refração, ácidos graxos livres, índice de iodo, estimativa do número de saponificação e número de cetano, e concluíram que, para maioria dos genótipos analisados, o óleo de pinhão apresentou boas qualidades para produção de biodiesel como baixo índice de acidez e baixo teor de ácidos graxos.

Por ser uma espécie ainda não domesticada (ACHTEN *et al.* 2010) e com alto potencial quantitativo e qualitativo para a produção de biodiesel no Brasil, o pinhão-manso (*Jatropha curcas L.*), apresenta enorme interesse por parte dos pesquisadores. O estudo dos recursos genéticos desta espécie se faz muito necessário, visto que ainda poucos trabalhos são apresentados na literatura. O conhecimento da arquitetura de plantas de pinhão-manso se faz muito útil e importante, visto que a espécie produz frutos nas extremidades de ramos novos. Alguns trabalhos sobre a arquitetura de plantas na espécie têm sido realizados, como por exemplo, os trabalhos de Reis *et al.* (2015) e Fey *et al.* (2014). Desta forma, uma análise detalhada das características referentes à arquitetura de plantas poderá auxiliar no desenvolvimento de genótipos com maior produção de grãos e espaçamento ótimo, visando um crescimento na produtividade.

O objetivo geral do presente trabalho foi conhecer a diversidade quanto à arquitetura de plantas entre e dentro de 10 famílias de meios-irmãos de pinhão-manso pertencentes à Coleção de Germoplasmas da UFRRJ, e, com base na estimação de parâmetros genéticos, conhecer o comportamento das variáveis que compõem a arquitetura de caule na espécie, obtidos por análise digital de imagens.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Produção de biodiesel no Brasil e no mundo

Segundo dados da IEA (International Energy Agency, 2015) a geração de energia renovável em todo o mundo desde 1990, cresceu em média 2,8% ao ano. Porém, apesar deste crescimento, a participação de fontes renováveis na matriz energética global não se alterou muito. Ainda de acordo com a IEA, em 1990, a participação das fontes renováveis na matriz energética global foi de 19,5%, e em 2009 este percentual passou para 19,3%. Esta pequena diminuição deve-se principalmente ao resultado do crescimento lento da principal fonte renovável, energia hidrelétrica, nos países membros da OCDE (Organização para Cooperação e Desenvolvimento Econômico). Para alcançar a meta de reduzir pela metade as emissões globais de CO<sub>2</sub> relacionadas com a energia até 2050 será necessária uma duplicação (em relação aos níveis de hoje) de geração de energia renovável até 2020.

Em projeções para 2020, a IEA (2015) estima que haverá crescente substituição mundial das fontes de combustível de origem fóssil pelas fontes renováveis de origem de biomassa. A agência relata que a produção de etanol utilizará basicamente cana-de-açúcar e milho, enquanto a produção de biodiesel será derivada dos óleos vegetais de canola (*Brassica napus*), de soja (*Glycine max*) e de mamona (*Ricinus communis*). Porém Damasceno Júnior & Reis (2012) apontam outras diferentes espécies oleaginosas com grande potencial para produção de biodiesel como por exemplo o dendê (*Elaeis guineensis*), a macaúba (*Acrocomia sclerocarpa* e *A. Intumescens*) e o pinhão-manso (*Jatropha curcas*).

No Brasil o biodiesel é obtido principalmente da soja, sementes de algodão e do sebo bovino (Balanço Energético Nacional, 2014). O biodiesel é uma alternativa renovável, que ameniza dois problemas ambientais ao mesmo tempo: aproveita um resíduo e reduz a poluição atmosférica. O biodiesel, por ter origem vegetal, contribui para a redução de CO<sub>2</sub> na atmosfera, já que as plantas que o produziram consomem dióxido de carbono no processo de fotossíntese (MOTA & PESTANA, 2011). Além disso, ainda segundo Mota & Pestana (2011), outra vantagem do biodiesel é o fato de não possuir enxofre em sua composição.

De acordo com a Agência Nacional do Petróleo (ANP, 2015), em 2014 o montante de B100 (biodiesel puro sem adição de outro produto) produzido no país atingiu 3.419.838 m<sup>3</sup> contra 2.917.488 m<sup>3</sup> do ano anterior (Quadro 1). Com isto, verificou-se um aumento de



17,22% no biodiesel disponibilizado no mercado interno. Nos últimos cinco anos, a produção de biodiesel no Brasil mais que dobrou, e desde 2006 percebe-se um aumento gradual na produção desse biocombustível (Quadro 1).

A Lei Federal 11.097/2005 dispõe sobre a introdução do biodiesel na matriz energética brasileira, e define biocombustível como um tipo de combustível derivado de biomassa renovável para uso em motores a combustão interna ou, conforme regulamento, para outro tipo de geração de energia, que possa substituir parcial ou totalmente combustíveis de origem fóssil. E recentemente, a Lei Federal 13.033/2014 estabeleceu em sete por cento (7%) o percentual obrigatório de adição de biodiesel ao óleo diesel comercializado para o consumidor final a partir de 1º de novembro de 2014. Neste contexto, Damasceno Junior & Reis (2012) relatam que a utilização do biodiesel na matriz energética brasileira poderá proporcionar diversos benefícios quanto aos aspectos ecológicos, sociais e econômicos. A não liberação de óxidos de enxofre (SO<sub>2</sub> e SO<sub>3</sub>) e a geração de renda e emprego no campo são alguns exemplos.

De acordo com dados da IEA (International Energy Agency, 2015), os maiores produtores de biodiesel no mundo, no ano de 2012, foram Estados Unidos, Alemanha, Argentina e Brasil com respectivamente 64, 54,7, 47,9 e 46,7 milhares de barris produzidos por dia. Já os maiores consumidores de biodiesel neste mesmo ano foram Estados Unidos, Alemanha e Brasil com respectivamente 60, 48,5 e 48,1 milhares de barris consumidos por dia. Atualmente, no Brasil, existem 59 empresas produtoras de biodiesel autorizadas pela ANP para operação no país, correspondendo a uma capacidade total autorizada de 21.506,51 m<sup>3</sup>/dia (ANP, 2015). Já o estado do Rio Grande do Sul é o maior produtor de biodiesel com 9 empresas cuja capacidade total de produção é de 5.677,33 m<sup>3</sup>/dia de biodiesel (ANP, 2015). Na região sudeste, o estado de São Paulo é o maior produtor com capacidade total autorizada de produzir 2.054,97 m<sup>3</sup>/dia.

No Rio de Janeiro, há duas empresas autorizadas pela ANP para operação e comercialização de biodiesel, sendo elas a Cesbra, localizada no município de Volta Redonda, com capacidade para produzir 166,7 m<sup>3</sup>/dia, e a Grand Valle, localizada no município de Porto Real, com capacidade de produção de 247 m<sup>3</sup>/dia (ANP, 2015). Damasceno Junior & Reis (2012) citam alguns projetos desenvolvidos no Rio de Janeiro que visam o desenvolvimento de tecnologias para produção, beneficiamento e comercialização do biodiesel, como o “Projeto Riobiodiesel” e o “PBIO Girassol” que está sendo desenvolvido na Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRRJ). Ainda segundo estes autores, a Empresa de

Aviação TAM tem realizado, no Aeroporto Internacional Tom Jobim no Rio de Janeiro, alguns voos-testes que objetivam conhecer o comportamento do bioquerosene proveniente do pinhão-mansão em motores de avião. Resultados promissores têm sido encontrados, como a redução da temperatura das turbinas das aeronaves (DAMASCENO JUNIOR & REIS, 2012).

Dentre as matérias-primas utilizadas para produção de biodiesel no mês de fevereiro de 2015, o óleo de soja representa 75,57% de todo o biodiesel produzido, seguido de gordura bovina e óleo de algodão com respectivamente 20,39% e 2,19% (ANP, 2015). As regiões com maior produção mensal de biodiesel são a Centro-Oeste com 135.589 m<sup>3</sup> e Sul com 104.075 m<sup>3</sup>. Quanto à demanda compulsória por B100 determinada na Lei 13.033/2014, a região Sudeste apresenta o maior volume de biodiesel (113.147 m<sup>3</sup>), seguida pela região Sul (52.606 m<sup>3</sup>) (ANP, 2015).

**Quadro 1.** Produção de Biodiesel B100 (milhares de bep\*) estimada a partir de janeiro de 2006 a dezembro de 2014.

Dados	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Janeiro	1,1	17,1	76,8	90,4	147,4	186,3	193,0	226,5	245,2
Fevereiro	1,0	16,9	77,1	80,2	178,0	176,8	214,6	205,7	240,5
Março	1,7	22,6	63,7	132,0	214,1	233,5	220,9	230,8	271,8
Abril	1,8	18,8	64,3	105,5	184,9	200,4	182,4	253,6	253,2
Mai	2,6	26,0	76,0	103,7	202,7	220,5	213,0	245,9	242,2
Junho	6,5	27,2	102,8	141,1	204,9	231,6	214,9	236,4	251,5
Julho	3,3	26,7	107,8	154,6	207,4	249,9	230,3	260,7	303,0
Agosto	5,1	43,9	109,5	167,1	231,2	247,9	254,4	247,6	314,5
Setembro	6,7	46,0	132,3	160,5	220,0	234,0	252,2	252,7	312,7
Outubro	8,6	53,6	126,8	156,8	199,9	237,9	251,4	278,0	321,6
Novembro	16,0	56,4	118,0	166,2	207,9	237,2	245,3	265,2	315,4
Dezembro	14,5	49,0	112,1	150,4	187,9	216,9	245,0	214,4	347,8
<b>Total</b>	<b>69,0</b>	<b>404,3</b>	<b>1.167,1</b>	<b>1.608,4</b>	<b>2.386,4</b>	<b>2.672,8</b>	<b>2.717,5</b>	<b>2.917,5</b>	<b>3.419,8</b>

Fonte: Agência Nacional do Petróleo (ANP), 2015.

\*bep: barril equivalente de petróleo.

## 2.2. Descrição Geral de *Jatropha curcas* L.

### 2.2.1. Aspectos Botânicos

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) é uma planta perene e pertence à família das *Euphorbiaceae*, a mesma da mandioca (*Manihot esculenta*) e da mamona (*Ricinus communis*). De acordo com Fairless (2007), a espécie tem seu centro de origem na América Central, ou seja, a região onde o ancestral silvestre da espécie cultivada distribuiu-se em estado nativo. É um arbusto que pode chegar até 5 metros de altura (HELLER, 1996) e suas folhas são decíduas. Segundo Vidal & Vidal (2006), um arbusto pode ser classificado como de tamanho médio inferior a 5 metros de altura, resistente e lenhoso inferiormente e tenro e suculento superiormente, sem um tronco predominante, porque ramifica a partir da base. A planta apresenta abscisão foliar na estação seca, as quais ressurgem logo após as primeiras chuvas (SATURNINO *et al.*, 2005). O pinhão-manso é uma planta monóica, alógama, autocompatível e necessita de polinizadores, como abelhas, moscas, tripes e formigas (PAIVA NETO *et al.*, 2010).

Na flor de *Jatropha curcas*, encontram-se dez estames dispostos em duas espirais distintas com cinco estames cada uma (HELLER, 1996). As flores masculinas estão em maior número nas extremidades das ramificações e as femininas encontram-se ao longo das ramificações (ALVES *et al.* 2008). Ainda de acordo com este autor, as flores de pinhão-manso são pequenas, pentâmeras ( 5 pétalas), amarelo-esverdeadas em panículas terminais ou axilares, e diferencia-se pela ausência de pedúnculo articulado nas masculinas. Ocasionalmente flores hermafroditas podem ocorrer (DEHGAN & WEBSTER, 1979).

*Jatropha curcas* possui uma raiz pivotante principal e raízes secundárias pouco ramificadas. O sistema radicular é considerado raso e grande parte das raízes concentram-se nos 30 cm de profundidade (KRISHNAMURTHY, 2012). As plantas oriundas de sementes apresentam desenvolvimento de raiz pivotante, o que confere maior resistência à seca, enquanto que nas mudas provenientes de estacas observa-se um sistema radicular menos vigoroso (SATURNINO *et al.*, 2005).

O caule de *Jatropha curcas* é liso, com aproximadamente 20 cm de diâmetro, de lenho mole e medula desenvolvida, porém, pouco resistente (REIS, 2013). Fey *et al.* (2014)

encontraram diâmetros do caule variando de 6,0 a 16,2 cm em plantas com 3 anos de idade cultivadas no município de Pato Bragado no estado do Paraná. Os ramos da planta possuem cicatrizes causadas pela queda das folhas durante o período caducifólio. Em caso de ferimento, é possível observar exsudação de um látex branco, que após algumas horas transforma-se em resina (DIAS *et al.*, 2007). O tronco e ramos são revestidos por uma camada cerosa, que depois de seca se desprende em lâminas finas (SATURNINO *et al.*, 2005).

As folhas apresentam comprimento e largura variando de 6 a 15 cm, e são dispostas alternadamente (HELLER, 1996). O pecíolo pode chegar até 15 cm de comprimento (BARTOLI, 2008). As folhas são decíduas, ou seja, caem em determinada época do ano, largas e alternas, em forma de palma com três a cinco lóbulos e pecioladas, com nervuras esbranquiçadas e salientes na face inferior, cordadas na base e filotaxia em espiral (ALVES *et al.*, 2008). A coloração das folhas é vermelho-vinho quando jovens e à medida que se expandem tornam-se verdes (ALVES *et al.*, 2008).

O fruto do pinhão-mansão é capsular, ovóide, liso, coriáceo (aspecto e dureza de couro), tem dimensões em torno de 2,5 a 4,0 cm de comprimento por 1,5 a 3,0 cm de diâmetro, sendo trilobular (três lóculos) e uma semente em cada cavidade. É formado por um pericarpo ou casca dura e lenhosa, inicialmente verde quando imaturo, passando de amarelo a castanho, e chegando a cor preta, quando atinge o estágio de maturidade. Os frutos são compostos por 53 a 65 por cento (%) de sementes e de 35 a 47 % de casca, com peso variando de 1,53 a 2,85 gramas (g) (NAYAK & PATEL, 2010).

A semente de pinhão-mansão é ovalada, endospermica, de tegumento rígido, quebradiço e com presença de uma película branca cobrindo a amêndoa (NUNES *et al.*, 2009). Possui na parte superior uma proeminência carnuda, a carúncula, que se encontra próxima à micrópila. Na parte inferior do involúcro da semente existe uma película branca cobrindo a amêndoa; albúmen abundante, branco, oleaginoso, contendo um embrião com formato reto, cotilédones planos, foliáceos e arredondados (SATURNINO *et al.*, 2005).

### **2.2.2. Aspectos Agronômicos**

O pinhão-mansão encontra-se distribuído desde a orla marítima, ao nível do mar, até 1.000 m de altitude, sendo o seu cultivo mais indicado em regiões que apresentem entre 500 e 800 m de altitude (ARRUDA *et al.*, 2004). Silva *et al.* (2010a), em trabalho sobre a resposta

fisiológica do pinhão-mansinho a estresse hídrico e salinidade, concluíram que apesar das reduções significativas no teor de clorofila causadas por soluções salinas com tensão de -0,22 MPa, as plantas não tiveram atividade fotoquímica alterada. Estes autores ainda afirmaram que as plantas submetidas a estresse salino apresentaram restrições de crescimento foliar, deficiência na taxa de assimilação de CO<sub>2</sub> e restrição na condutância estomática, porém, tiveram uma recuperação rápida e completa após o período de estresse, o que demonstra que *Jatropha curcas* apresenta eficientes mecanismos adaptativos às condições de estresse hídrico e salino. Já Silva *et al* (2011) relataram que plantas jovens de pinhão-mansinho são sensíveis a condições de alto estresse salino devido aos grandes danos no aparelho fotossintético e estômatos, e pelas limitações bioquímicas. Desta forma, plantas jovens submetidas a estresses salinos podem ter seu desenvolvimento de ramos afetado, alterando a arquitetura que a planta venha a apresentar posteriormente.

A produtividade do pinhão-mansinho pode ser muito variável, dependendo da região, do método de cultivo e dos tratamentos culturais, assim como da regularidade pluviométrica e da fertilidade do solo. A exemplo disso, Drumond *et al.* (2007), em experimento realizado em Petrolina-PE, obtiveram produtividade média de sementes em plantas irrigadas (871 kg/ha) 3,5 vezes maior do que aquela obtida em planta sem irrigação (246 kg/ha), já no primeiro ano de cultivo. Fey *et al.* (2014) encontraram produtividade variando de 4,90 a 771,69 Kg de sementes por hectare em plantas com 3 anos de idade no estado do Paraná. Reis *et al.* (2015) relataram uma produção de óleo por planta variando de 9,07 a 561,35 g/planta em 60 acessos de pinhão-mansinho cultivados no município de Seropédica-RJ.

Segundo Heller (1996), o bom desenvolvimento da planta é assegurado com o plantio no início do período chuvoso. Ainda de acordo com este autor, o espaçamento ideal para plantio convencional é de 2 x 2 m (2.500 plantas.ha<sup>-1</sup>), e para o consórcio com culturas anuais, durante os primeiros anos, é de 2,5 x 2,5 m (1.600 plantas.ha<sup>-1</sup>) ou 3 x 3m (1.111 plantas.ha<sup>-1</sup>).

A cultura é suscetível à algumas pragas como pulgões, cochonilhas, formigas saúvas, o ácaro-branco, e doenças como a ferrugem, a gomose e a antracnose. Doenças causadas por *Phytophthora spp.* e *Fusarium spp* foram encontradas por Heller (1996) em plantas de pinhão-mansinho no Zimbábue e Senegal. A podridão do colo das plantas, também conhecida como *seca descendente*, causada pelo fungo *Lasiodiplodia theobromae*, é uma das doenças mais importantes no cultivo da espécie e foi encontrada no estado do Ceará (FREIRE & PARENTE, 2006). Segundo estes autores, a doença se caracteriza pela seca nas extremidades

superiores dos ramos, onde progride até chegar ao caule e todo órgão ser afetado, podendo levar a planta à morte.

As sementes de pinhão-mansão contém alguns compostos que são tóxicos para humanos e animais, e por essa razão a utilização nutricional não é possível (AHMED & SALIMON, 2009). Dentre estes compostos estão os ésteres de forbol, que são um grupo de substâncias tóxicas que agem como co-carcinogênicos, causando efeito celular e bioquímico adverso aos animais (BERENCHTEIN, 2012), inativando a proteína quinase C, que regula diferentes sinais de vias de tradução e outras atividades metabólicas (GOEL *et al.*, 2007). Ahmed & Salimon (2009) encontraram diferenças significativas entre os teores de ésteres de forbol em plantas de pinhão-mansão de três diferentes procedências. Segundo estes autores, o nível médio de ésteres de forbol foi baixo no óleo das sementes provenientes da Malásia (0,23%), enquanto em sementes da Indonésia e Índia foram de respectivamente 1,58% e 0,58%. Após a extração do óleo da semente por processo de prensagem mecânica, gera-se um subproduto, a torta de pinhão-mansão, rica em nitrogênio, fósforo, potássio e matéria orgânica, sendo empregada como fertilizante e tendo efeito nematicida (BERENCHTEIN, 2012). Outro subproduto da extração do óleo de pinhão-mansão é o farelo de pinhão-mansão que pode ser utilizado como ingrediente de rações para animais quando detoxicado, contendo aproximadamente 60% de proteína (DIAS *et al.*, 2007). O pinhão-mansão também é usado para a extração de óleo que serve para iluminação e fabricação de sabão (SATURNINO *et al.*, 2005). O óleo também pode ser usado para fins medicinais e é usado para curar doenças como a disenteria, hemorróidas, gonorreia, infertilidade, varíola e infecções de pele (AHMED & SALIMON, 2009).

Devido aos aspectos agrônômicos da cultura, o pinhão-mansão apresenta-se como uma alternativa para geração de emprego e renda na agricultura familiar no estado do Rio de Janeiro. Segundo Damasceno Júnior & Reis (2012), genótipos de pinhão-mansão adaptados a plantios adensados serão preferíveis, principalmente para a região sul-fluminense, onde se tem uma topografia íngreme dos terrenos. Já de acordo com a Lei 11.097/2005, o biodiesel produzido no país deve ser processado a partir de matérias-primas produzidas, preferencialmente, por agricultores familiares.

### 2.3. Modo de reprodução em *Jatropha curcas*

O conhecimento da estrutura floral e da biologia reprodutiva numa cultura é básico para que o melhorista desenvolva técnicas de emasculação e polinização adequadas (SILVA *et al.*, 2001). Os procedimentos adotados em trabalhos de melhoramento genético de espécies perenes frutíferas arbóreas dependem do seu modo de reprodução, do conhecimento da biologia floral, inclusive a morfologia floral, do tipo de reprodução e dos aspectos relativos à polinização e à fertilização (JUHÁSZ *et al.*, 2009).

Em pinhão-mansão, as flores masculinas surgem em maior número nas extremidades das ramificações, e as femininas nas bases delas (ALVES *et al.*, 2008). Também diferenciam-se pela ausência de pedúnculo articulado nas masculinas, enquanto as femininas são pedunculadas (HELLER, 1996). A abertura das flores femininas na mesma inflorescência ocorre em dias diferentes. Juhász *et al.* (2009), em trabalho com *Jatropha curcas* no norte de Minas Gerais, observaram que o intervalo de abertura da primeira e última flor feminina em uma mesma inflorescência variou de um a sete dias em média. O florescimento inicia-se, normalmente, após o período caducifólio da espécie, e no Brasil isso ocorre após o inverno, quando a temperatura e a precipitação são reduzidas. Após a indução do florescimento, este se torna contínuo por períodos prolongados, de acordo com a disponibilidade de água no solo (JUHÁSZ *et al.*, 2009). Em experimento no município de Itaporanga, Albuquerque *et al.* (2008) relatam que as primeiras inflorescências de pinhão-mansão foram emitidas aos 72 dias após a emergência e aos 83 dias da emergência foi observada a formação dos primeiros frutos.

Ao estudar o período produtivo de 60 genótipos de *Jatropha curcas* em Seropédica-RJ, Reis (2013) observou que as plantas produziram frutos de dezembro a maio, sendo que o pico de produção da maioria dos acessos concentrou-se na segunda semana de janeiro. Fey *et al.* (2014), em trabalho com plantas de pinhão-mansão aos três anos de idade no município de Pato Bragado-PR, relataram que metade da produção foi colhida na primeira semana de janeiro, em um período de colheita que foi de janeiro a julho.

De acordo com Solomon Raju & Ezradanam (2002), a polinização natural em pinhão-mansão é realizada por pequenos insetos, como abelhas, formigas, tripes e moscas, sendo que as flores recebem visitação ao longo de todo o dia. Conforme Paiva Neto *et al.* (2010) a espécie não apresenta problemas de auto-incompatibilidade, o que resulta em elevados índices de fecundação. Solomon Raju & Ezradanam (2002) obtiveram 96 e 77% de fecundação e

desenvolvimento de frutos de *Jatropha curcas* ao realizarem processos de polinização cruzada e geitonogamia, respectivamente. Em Janaúba (MG), a variação do número de flores por inflorescência foi de 94 a 234, na proporção de uma flor feminina para 20 masculinas (JUHÁSZ *et al.*, 2009). Já Solomon Raju & Ezradanam (2002), em trabalho realizado na Índia, relataram que são produzidos de 1 a 5 flores femininas para 25 a 93 flores masculinas por inflorescência, e a proporção média de flores masculinas para femininas na inflorescência foi de 29:1.

#### **2.4. Melhoramento genético do pinhão-mansão**

Segundo Achten *et al.* (2010), *Jatropha curcas* L. se encontra em processo de domesticação. Fairless (2007) relata que o pinhão-mansão teve origem na América Central, e é uma espécie muito cultivada em locais de clima semi-árido ao redor do mundo. No Brasil sua distribuição geográfica é bastante vasta, devido à sua rusticidade, resistência a longas estiagens, sendo adaptável a condições edafoclimáticas muito variáveis, desde a região Nordeste, Sudeste e o estado do Paraná (ARRUDA *et al.*, 2004). Porém é necessário maior conhecimento sobre algumas características da espécie que fazem com que o rendimento de semente seja pouco previsível, como por exemplo, condições de crescimento, necessidade de água, variabilidade genética e conhecimento do germoplasma disponível (ACHTEN *et al.*, 2010).

Silva (2008), em Patos-PB, detectaram a ocorrência de variabilidade relevante entre os acessos de pinhão-mansão provenientes do Brasil, El Salvador, Colômbia e África. Abreu *et al.* (2009) em pesquisa realizada no Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul encontraram resultados que indicaram a presença de considerável variabilidade entre os acessos disponíveis. Segundo estes mesmos autores, a herdabilidade de plantas individuais no sentido amplo foi baixa para várias características como o número de folhas, altura de plantas e diâmetro de caule, porém para a herdabilidade da média de acesso foram obtidos estimativas altas: 56% para altura de plantas, 82% para altura da primeira folha, 76% para diâmetro de caule e 89% para número de folhas. Através desses dados, se fez necessária a caracterização dos indivíduos de diferentes origens a fim de se determinar a diversidade genética disponível, fornecendo assim, subsídios para os programas de melhoramento genético da espécie.



Os diferentes estádios de maturidade do fruto do pinhão-manso é um dos principais problemas da cultura, já que aumenta os custos operacionais com a colheita. Reis (2013) e Fey *et al.* (2014) relataram períodos de colheita se prolongando por 6 meses respectivamente. Reis (2013) observou que em Seropédica-RJ, a colheita geralmente se inicia no mês de dezembro e se estende até o mês de maio do ano seguinte. Ainda de acordo com este autor, o pico da colheita ocorre, na maioria dos genótipos, no mês de janeiro e existe, também, ampla variabilidade genética para o caráter. Porém alguns genótipos do Banco de Germoplasma de *Jatropha curcas L.* da UFRRJ têm se apresentado como potenciais para a seleção devido a colheita ser concentrada em no máximo 4 ou 5 semanas. Fey *et al.* (2014), em trabalho no Paraná, relataram picos de produção de frutos em janeiro principalmente, e em junho.

Damasceno Junior & Reis (2012) realçam que um dos maiores objetivos dos melhoristas que trabalham com a cultura do pinhão-manso é a busca pela uniformidade da floração e, conseqüentemente, pela uniformidade na maturação dos frutos. De acordo com Horing *et al.* (2011), a desuniformidade no processo de formação e maturação dos frutos do pinhão-manso requer uma colheita de forma escalonada, necessitando de maior tempo e mão-de-obra, tornando o processo de colheita de sementes uma das fases mais críticas do sistema de produção.

Damasceno Junior & Reis (2012) alertam para a importância de se buscar no melhoramento genético genótipos adaptados a condições mais adensadas de cultivo, pois isso contribuirá para o aumento significativo da produção de grãos na cultura em um curto prazo e, conseqüentemente haverá um incremento na produção de óleo. Ainda de acordo com esses autores, os genótipos adaptados a plantios adensados serão preferíveis onde se tem uma topografia íngreme dos terrenos como na região sul do estado do Rio de Janeiro.

Outro desafio para os melhoristas e pesquisadores de *Jatropha curcas* é a redução dos teores de compostos tóxicos nas sementes, como os ésteres de forbol. A seleção de genótipos com baixos teores de ésteres de forbol é bastante dificultada em razão da baixa variabilidade para o caráter nos genótipos brasileiros (DAMASCENO JUNIOR & REIS, 2012). Porém Ahmed & Salimon (2009) encontraram níveis baixos de ésteres de forbol no óleo de semente provenientes da Malásia (0,23%), enquanto os níveis de sementes da Indonésia foi de 1,58% e da Índia foi de 0,58%. Makkar *et al.* (2008), relatam que alguns genótipos oriundos do Sul do México têm apresentado teores baixos de ésteres de forbol, sendo denominados acessos não-tóxicos.

Dentre as doenças que afetam a cultura do pinhão-mansão, Freire *et al.* (2006) relatam que principalmente a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), na estação chuvosa, e a seca descendente (*Lasiodiplodia theobromae*), no período mais seco, poderão se constituir em fatores limitantes para a expansão da cultura. Alves *et al.* (2008) cita a possibilidade da realização de técnicas de enxertia utilizando o pinhão-bravo (*Jatropha pohliana*) como porta enxerto, por apresentar maior resistência para doenças em relação ao pinhão-mansão.

A arquitetura de copa é considerada uma característica importante para o cultivo do pinhão-mansão e trabalhos vem sendo realizados com o objetivo de descrever práticas de poda mais apropriadas para esse cultivo. De acordo com os resultados obtidos por Spinnelli *et al.* (2010), em trabalho com 236 plantas de pinhão-mansão aos 38 meses de cultivo, a avaliação do volume de copa permitiu quantificar o crescimento das plantas tendo em vista a variabilidade observada em campo e o efeito da compensação de crescimento da árvore, uma vez que foram observadas árvores altas de copas estreitas e árvores baixas de copas mais largas. O volume de copa apresentou efeito direto superior ao dos seus componentes individuais sobre a produtividade de grãos, mostrando-se mais importante do que a altura e a projeção da copa para caracterização de genótipos superiores. Reis *et al.* (2015), em trabalho que avaliou 12 descritores da cultura em 60 genótipos de pinhão-mansão de 12 diferentes procedências, concluíram que a projeção de copa e a produção de óleo por planta foram as características de maior variabilidade. Estes autores ainda citaram que por meio de uma análise por componentes principais, o número de ramos totais e a produção de óleo por planta foram os descritores que mais contribuíram para a variação encontrada. Fey *et al.* (2014) e Tonini & Arco-Verde (2005) relataram que o crescimento em largura é mais desejado que em altura, por facilitar a colheita, e como trabalharam com plantas com apenas 3 anos de idade, espera-se que o diâmetro aumente, podendo ocasionar competição intraespecífica por luminosidade.

No curto prazo, estratégias de melhoramento em *Jatropha curcas* como a propagação vegetativa é apontada por Damasceno Junior & Reis (2012) como possível método de propagação de indivíduos superiores, que podem ser obtidos diretamente de banco de germoplasmas e também via hibridações controladas ou de polinização aberta. Estes autores também apontam para métodos de melhoramento clássicos assistidos por marcadores de DNA como ferramentas para acentuar os ganhos futuros na cultura. Achten *et al.* (2010) relataram várias características benéficas de *Jatropha curcas* em relação a outras espécies lenhosas, visando o melhoramento da espécie como: seleção recorrente realizada em curtos espaços de tempo, fácil propagação clonal e fase juvenil curta indicando que a produtividade pode ser

avaliada precocemente. A partir dessas características, esses autores citaram algumas medidas a serem tomadas em programas de domesticação de germoplasma: maior exploração dos recursos genéticos de variedades crioulas no mundo em comparação com o “pool” genético da América Central, análise do sistema reprodutivo de *Jatropha* pelo uso de marcadores moleculares, determinação do efeito de endogamia e alogamia, e controle genético da produção de ésteres de forbol.

## 2.5. Arquitetura de plantas

### 2.5.1 Aspectos Morfológicos

Segundo Godin (2000), a arquitetura de plantas é como “ qualquer descrição individual baseada na decomposição de plantas em componentes, que especifica o seu tipo biológico, sua forma, sua localização/orientação no espaço e a maneira como eles são fisicamente relacionados uns aos outros”. A análise da arquitetura das plantas e de sua distribuição espacial auxilia no estudo do desenvolvimento e crescimento dos vegetais. A representação espacial de plantas pode-se realizar em diferentes níveis de detalhamento, da exata descrição de cada órgão (CHELLE, 2005), até a de sistemas de ramificação de plantas inteiras (GODIN & SINOQUET, 2005), ou de distribuição de plantas em parcelas (REY *et al.*, 2008).

Existem dois tipos fundamentais de crescimento e ramificação. No sistema monopodial há uma gema terminal persistente, logo, há predomínio do eixo principal sobre os ramos laterais que surgem abaixo da extremidade (VIDAL & VIDAL, 2006). É o caso dos mamoeiros (*Carica papaya*), e das palmeiras (*Arecaceae*). No sistema monopodial o eixo principal é constituído, portanto, por tecidos formados pela mesma gema terminal. Outro tipo de ramificação é o sistema simpodial, em que a gema terminal é substituída por uma lateral, que passa a ser a principal, e logo depois, esta também é substituída por outra lateral, e assim por diante (VIDAL & VIDAL, 2006). Assim, o eixo principal da planta é formado por tecido originado das diversas gemas que se substituíram sucessivamente. É o caso do *Ficus* sp. e várias outras árvores em geral.

Tomando como base estas classificações, Leon Enriquez *et al.* (2008), trabalhando com a espécie *Phyllanthus acuminatus* Vahl, realizou um estudo arquitetônico na qual determinou tipos de eixos. Os eixos que apresentaram crescimento vertical (ortotrópicos) e os

eixos que apresentaram crescimento lateral (plagiotrópicos). Desta forma, relacionando o trabalho de Leon Enriquez *et al.* (2008) com a classificação de Vidal & Vidal (2006), pode-se dizer que plantas que apresentam somente ramos ortotrópicos são classificadas como monopodiais, e plantas que apresentam em conjunto ramos plagiotrópicos e ortotrópicos devem ser denominadas simpodiais.

Veillon (1978), trabalhando com espécies do gênero *Araucaria* faz uma classificação dos ramos de acordo com a posição e importância destes. Os ramos principais e com diâmetro maior são chamados ramos de primeira ordem. Os ramos que tem sua origem nos ramos principais são chamados ramos de segunda ordem e assim sucessivamente. Esta classificação pode ser útil para *Jatropha curcas*, já que a maioria dos genótipos encontrados na espécie apresentam muitas bifurcações. De acordo com Albuquerque *et al.* (2008), os ramos novos do pinhão-manso apresentam a primeira inflorescência no ápice, originando a emissão de novos ramos que passam a ser axilares até o surgimento de novas inflorescências que, por sua vez, impedem novamente o crescimento apical, surgindo os próximos ramos e, assim, sucessivamente.

Em estudos com feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*), as plantas com arquitetura ereta têm menos ramificações, nós e gemas e, portanto, espera-se que seu potencial produtivo seja inferior ao de plantas prostradas (NIENHUIS & SINGH, 1986). Dawo *et al.* (2007) argumentaram que há correlação negativa entre produtividade e porte ereto, o que é considerado um empecilho na obtenção de cultivares modernas.

Irolivea *et al.* (1998), em trabalho realizado com a cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), determinou que há efeito direto da arquitetura da parte aérea do cultivar sobre o tempo de fechamento das plantas na linha e na entrelinha. Quanto maior for o ângulo de ramificação do cultivar em relação à vertical (o que confere porte mais esgalhado), mais rápido é o tempo de fechamento do terreno. Com o terreno coberto precocemente, maiores serão os benefícios decorrentes do controle de erva daninha e da erosão do solo, assim como, da formação mais rápida do aparelho fotossintético.

Segundo Araújo-Júnior *et al.* (2013), em trabalho realizado com cafeeiro, as plantas com arquitetura de menor porte apresentam vantagens quanto ao adensamento e mecanização de lavouras. A altura, os diâmetros de copa e do caule dos cultivares de arquiteturas contrastantes foram influenciados pelos espaçamentos nas entrelinhas.

O tronco do pinhão-manso encontra-se dividido desde a base em vários ramos, os quais possuem cicatrizes oriundas pela queda das folhas na estação seca (SATURNINO *et al.*,

2005), que surgem logo após as primeiras chuvas. O diâmetro do tronco mede geralmente 20 cm, sendo o caule liso, e pode expelir um líquido leitoso, o látex, que segundo Arruda *et al.* (2004), possui propriedade medicinal, sendo usado como cicatrizante e hemostático. De modo geral, o caule do pinhão-mansão é pouco resistente, apresenta lenho mole e medula desenvolvida. O floema possui longos canais que se estendem até as raízes, nos quais circula o látex; suas raízes são curtas, superficiais e com pouca ramificação.

Reis (2013) definiu 52 descritores para *Jatropha curcas*, dividindo-os em 29 descritores referentes aos aspectos vegetativos e 23 descritores referentes aos aspectos reprodutivos. Destes, alguns são muito úteis para o estudo da arquitetura da planta, como os seguintes: altura de plantas desenvolvidas, número de ramos totais, área de projeção da copa, diâmetro do caule e comprimento de ramos primários. Reis (2013) utilizou uma classificação de arquitetura de plantas em pinhão-mansão baseado em descritores da cultura da mamona, e definiu três tipos: ereta, fechada e aberta. O mesmo autor utilizou também como base os descritores da mamona para determinar o tipo de ramificação, que no trabalho foram quatro: ausência de ramificação, monopodial, dicasial e simpodial.

O uso de imagens de alta resolução aliado ao uso de programas computacionais de análise de imagens são importantes objetos para o estudo da arquitetura das plantas. Através destas ferramentas é possível analisar variáveis que seriam de difícil obtenção em campo. A análise de imagens vem ganhando importância em vários campos da pesquisa agrícola, como por exemplo na determinação da cobertura do solo (VARELLA *et al.*, 2002) e determinação de área foliar (TAVARES JUNIOR *et al.*, 2002). No melhoramento de plantas, a análise de imagem consiste em uma nova ferramenta para realização da fenotipagem. Cobb *et al.* (2013) relatam que ao contrário da genotipagem, que agora é altamente mecanizada e essencialmente uniforme entre os organismos, a fenotipagem ainda é muito trabalhosa por não apresentar ferramentas padronizadas que economizem tempo e recursos. Ainda de acordo com os mesmos autores, a fenotipagem tem substituído a genotipagem como o maior gargalo operacional para as análises genéticas. Dessa forma, a análise de imagens digitais se torna uma ferramenta que vem auxiliar na eficiência e rapidez no processo da fenotipagem.

### **2.5.2 Aspectos Fisiológicos**

Segundo Taiz & Zieger (2009), as plantas normalmente competem pela luz solar. Mantidas verticalmente pelos caules, as folhas configuram um dossel que absorve luz e

influencia as taxas fotossintéticas e o crescimento sob ele. As folhas que são sombreadas por outras experimentam níveis mais baixos de luz e têm taxas fotossintéticas muito mais baixas. Algumas plantas possuem folhas muito espessas que transmitem pouca ou nenhuma luz. Outras, como o dente-de-leão (*Taraxacum* sp.), apresentam o hábito de crescimento em roseta, com as folhas crescendo radialmente muito próximas entre si sobre um caule muito curto, impedindo, assim, o crescimento de outras folhas abaixo delas. É comum observar que o ângulo de folhas diferentes dentro de um dossel decresce ( torna-se mais horizontal) com a crescente profundidade do dossel (TAIZ & ZIEGER, 2009).

Taiz & Zieger (2009) fazem uma classificação quanto à resposta da planta em relação à luz solar. As “plantas de sol” são aquelas que alocam seus recursos visando obter um crescimento mais rápido em altura, aumentando suas chances de crescer acima do dossel e adquirir maior porção de radiação fotossinteticamente ativa. Essas plantas têm como característica o alongamento dos entrenós e redução nas ramificações em um primeiro momento. Já as “plantas de sombra” apresentam menor alongamento dos caules seguido de uma maior área foliar.

Maes *et al.* (2009) relatam que o mecanismo fisiológico por trás da alta resistência a seca de *Jatropha curcas* ainda não foi descrito. Com isso, em trabalho para investigar a relação planta-água em diferentes acessos na espécie, Maes *et al.* (2009) afirmam que *J. curcas* apresenta características como uma alta densidade da madeira, taxa de transpiração baixa e alta eficiência no uso da água. Ainda em tempo, estes autores citam que o pinhão-manso investe em folhas com anatomia diferente no início da seca, que gradualmente vão caindo (período caducifólio), visando uma menor perda de água. Apesar de não ter feito avaliações quanto a questões relativas à arquitetura de planta, estas características apresentadas por Maes *et al.* (2009) podem influenciar na estrutura de ramificação do pinhão-manso, uma vez que são nos caules que se encontram os vasos condutores de água para toda a planta.

Já Silva *et al.* (2010b), em estudo sobre mecanismos de proteção de *J. curcas* contra calor e seca, concluíram que a combinação de seca e calor ao mesmo tempo podem prejudicar significativamente a assimilação fotossintética de CO<sub>2</sub> e a atividade fotoquímica. Porém, plantas submetidas somente ao intenso calor produziram um antioxidante enzimático, um eficiente sistema de eliminação de formas reativas de oxigênio e uma proteção eficaz contra danos fotoquímicos.

Alguns fitormônios como auxina, citocinina, giberelina e brassinosteróides, e as interações entre eles podem influenciar em características da arquitetura da planta (WANG & LI, 2008), como altura, alongamento do caule, comprimento de entrenós e desenvolvimento de gemas apicais e axilares (que determinam indiretamente o número de bifurcações e número de ramos em uma planta). De acordo com Taiz & Zieger (2009), as auxinas estão envolvidas no alongamento do caule e a relação auxina/citocinina tem relação com desenvolvimento de gemas apicais e axilares. Já a giberelina está ligada a funções como crescimento internodal (TAIZ & ZIEGER, 2009), e os brassinosteróides têm efeitos significativos no crescimento e desenvolvimento da planta (CLOUSE & SASSE, 1998)

### 2.5.3 Controle Genético

Teixeira *et al.* (1999), em trabalho sobre o efeito do controle genético na arquitetura de planta em feijão (*Phaseolus vulgaris L.*), concluíram que dentre as características de arquitetura de plantas avaliadas (grau de ramificação, comprimento de entrenós, diâmetro dos entrenós e altura de inserção da primeira vagem), o comprimento dos entrenós foi o que mais variou devido a uma predominância de efeito aditivo no controle desta variável. Os autores ainda concluíram que nas famílias de feijão estudadas, as estimativas dos parâmetros genéticos confirmaram a possibilidade de sucesso na seleção da arquitetura, apesar da forte influência do ambiente na expressão deste caráter. Já Singh *et al.* (1991) verificaram que o comprimento da haste principal do feijão é controlado por um único gene, cujo alelo dominante é responsável por haste longa. Silva *et al.* (2009) citaram que é possível selecionar simultaneamente progênies de feijoeiro comum mais produtivas e com melhor arquitetura de plantas.

Wang & Li (2008), em trabalho que envolve plantas como *Arabidopsis thaliana*, tomate, arroz e milho, relataram que a identificação de mutantes para características de arquitetura de planta e a caracterização dos genes correspondentes é uma etapa fundamental para elucidar os mecanismos moleculares subjacentes à arquitetura da planta. Os mesmos autores dizem que, apesar da compreensão limitada a respeito de como é controlada a arquitetura das plantas, alguns passos como a elucidação dos papéis e interações dos fitormônios que regulam a arquitetura da planta, a criação de uma rede integrada sobre estudos de correlação das características de arquitetura de plantas e a definição de um ideótipo de arquitetura de plantas são essenciais para se avançar neste tema.

Ait-ali *et al.* (2003), em estudos com *Arabidopsis*, identificaram um gene denominado “gai” expressando a proteína “gai”, que provocou repressão do crescimento em plantas transgênicas em uma vasta gama de espécies de cultivo, como por exemplo o arroz. Desta forma, alguns genes que afetam a arquitetura das plantas têm aplicações potenciais em engenharia genética visando uma arquitetura ideal em algumas culturas. One *et al.* (2014) dizem que as variedades de pinhão-mansão atualmente cultivadas são muito altas, dificultando a colheita, e que a alteração na altura e tamanho do dossel pode levar à identificação de uma arquitetura de planta desejável para *Jatropha*. Desta forma, estes autores realizaram um trabalho com o objetivo de determinar o controle genético de nanismo e hábito ereto de crescimento em populações de *Jatropha*, e concluíram que o hábito de crescimento ereto e o ananismo foram controlados por genes independentes com ação dominante incompleta.

Wang & Li (2006), em trabalho de isolamento e caracterização de genes que estão diretamente envolvidos na formação da arquitetura das plantas (iniciação e crescimento de gemas axilares, alongamento de hastes e arquitetura de inflorescências), concluíram que a maioria destes genes são conservados entre as plantas dicotiledôneas e monocotiledôneas, o que indica que estas plantas têm vias reguladoras semelhantes para estabelecer a sua estrutura de ramificação. Estes autores ainda relataram que a conservação destes genes é de grande importância para melhoria da produtividade das culturas.

Cruz & Carneiro (2003) definem herdabilidade como sendo um coeficiente que expressa a relação entre valor fenotípico e valor genotípico do material genético. Dessa forma, a estimação da herdabilidade das características de arquitetura de plantas é essencial para uma correta determinação das famílias ou plantas individuais a serem selecionadas no melhoramento da cultura. Carvalho *et al.* (2003), estudando diversidade genética de acessos de algodão, relatam que a estimação da variância genética aditiva, da herdabilidade e de ganhos por seleção são em grande parte obtidas utilizando progênies de meios-irmãos.

Quanto aos caracteres relacionados à arquitetura de plantas em pinhão-mansão, Ginwal *et al.* (2004) encontraram altos valores de herdabilidade no sentido amplo para altura de plantas com 1 ano (69,32%) e 2 anos de idade (97,04%). Laviola *et al.* (2010), avaliando 110 acessos de *J. curcas* do banco de germoplasma da Embrapa Cerrados em Planaltina-DF, também encontraram alta herdabilidade no sentido restrito para altura de plantas (0,79). Rao *et al.* (2008) encontraram alta herdabilidade para altura de planta (87,73%) em genótipos com 3 anos de idade. Já Abreu *et al.* (2009) encontraram baixa herdabilidade no sentido amplo para altura de plantas (5,9%) em plantas jovens de pinhão-mansão.



Para a característica número de ramos, Laviola *et al.* (2010) encontraram herdabilidade no sentido restrito de 0,45, e Rao *et al.* (2008) encontraram herdabilidade no sentido amplo de 0,81. Já para a característica diâmetro do caule, Laviola *et al.* (2010) encontrou herdabilidade no sentido restrito de 0,40, enquanto Abreu *et al.* (2009) encontraram herdabilidade no sentido amplo de 0,14.

Ribeiro (2013) encontrou herdabilidades negativas para altura de plantas, diâmetro de caule e número de ramos em pinhão-manso. Segundo este autor, estas herdabilidades podem ter sido obtidas em função da alta heterozigose dos genótipos nas progênies, já que a espécie é provavelmente alógama, bem como pela idade fisiológica das plantas em estudo, e neste caso, parte das variâncias genéticas obtidas para estas características podem ser confundidas com variâncias ambientais embutidas.

Ginwal *et al.* (2004), trabalhando com plantas de pinhão-manso de 1 e 2 anos de idade, obtiveram ganhos genéticos de, respectivamente, 5,56 e 17,17 para altura de planta, e de 4,66 e 12,06 para diâmetro do caule. Estes autores consideraram que o progresso genético foi elevado para essas duas características.

# CAPÍTULO I

## ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO ESTUDO DA ARQUITETURA DE CAULE EM PINHÃO-MANSO AUXILIADO POR ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS

### RESUMO

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L) se constitui em uma das espécies mais promissoras para produção de óleo como matéria-prima do biodiesel. Apesar de sua importância, até o momento não há materiais genéticos disponíveis para o plantio, e aspectos agronômicos importantes ainda precisam ser estudados. Portanto, objetivou-se analisar o comportamento de 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta quanto a variáveis relacionadas à arquitetura de plantas obtidas por análise de imagem digital. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado contendo 10 famílias e 15 repetições. Após captura, processamento e análise das imagens de caule estimou-se as variáveis altura das plantas (ALT), diâmetro do caule (DBC) e copa (DCO), somatório do comprimento total dos ramos (SCR), número de ramos aos 50 cm de altura (NR50), ângulo de abertura do dossel (AAB), número de bifurcações totais na planta (NBI), média da altura das bifurcações (MAB), número de ramos acima (NRAc<sub>mab</sub>) e abaixo (NRAb<sub>mab</sub>) de MAB e área plana da planta (APL). Estimou-se também, no campo, o número de frutos (NFR) e sementes (NSE), peso médio de sementes (PMS) e produção de grãos por planta (PGP). Realizou-se análises de variância, médias, correlações e estimou-se parâmetros genéticos. Somente NR50 não foi estatisticamente diferente entre as progênies. Maior influência do genótipo foi observado em ALT, DCO, NBI, NRAc<sub>mab</sub>, NRAb<sub>mab</sub>, SCR e APL. PGP apresentou baixa correlação com as variáveis referente à arquitetura de plantas. A família 872 obteve os maiores valores para a maioria das características vegetativas analisadas, já a 355 e 875 apresentaram os menores valores.

**PALAVRAS-CHAVE:** Índice de variação, coeficiente de determinação, correlação de Pearson.

# GENETIC PARAMETERS ESTIMATION IN THE STUDY OF ARCHITECTURE IN STEM *JATROPHA* ASSISTED BY DIGITAL IMAGE ANALYSIS

## ABSTRACT

The *Jatropha curcas L.* constitutes one of the most promising species for the production of oil as raw material for biodiesel. Despite its importance, so far there is no genetic material available for planting, and important agronomic aspects still need to be studied. Therefore, this study aimed to analyze the behavior of 10 *Jatropha* families from open-pollinated as the variables related to plant architecture obtained by digital image analysis. We used a completely randomized design containing 10 families and 15 repetitions. After capture, processing and analysis of stem pictures estimated the variables plant height (ALT), stem diameter (DBC) and canopy (DCO), sum of the total length of the branches (SCR), number of branches to 50 cm height (NR50), canopy opening angle (AAB), the total number of forks in the plant (NBI), the average height of the forks (MAB), number of branches above (NRAcwab) and below (NRAbwab) of MAB and area Flat plant (APL). It is estimated also in the field, the number of fruits (NFR) and seeds (NSE), average seed weight (PMS) and grain yield per plant (PGP). It conducted analyzes of variance, averages, correlations and was estimated genetic parameters. Only NR50 was not statistically different between the progenies. Greater influence of genotype was observed in ALT, DOC, NBI, NRAcwab, NRAbwab, SCR and APL. PGP showed low correlation with the variables related to plant architecture. The 872 family has obtained the highest values for most vegetative characteristics analyzed, since the 355 and 875 had the lowest values.

**KEY-WORDS:** Variation index, coefficient of determination, Pearson correlation.

## 1. INTRODUÇÃO

Atualmente, a necessidade por fontes renováveis de energia se faz cada vez maior devido aos baixos impactos ambientais e menores níveis de emissão de poluentes. Desta maneira, a demanda por biocombustíveis como o etanol e o biodiesel está aumentando consideravelmente no Brasil e no mundo. Segundo a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP, 2015), a produção de biodiesel no Brasil passou de 736 bep (barril equivalente de petróleo) em 2005 para 3.419.838 bep em 2014.

O pinhão manso (*Jatropha curcas L.*), pertencente à família das Euphorbiaceae, é uma espécie perene, caducifólia, que apresenta propriedades físico-químicas em seu óleo favoráveis a produção de biocombustíveis e outras aplicações industriais (AKBAR *et al.*, 2009). Ainda neste contexto, Parthiban *et al.* (2011) afirmaram que devido a sua ampla ocorrência e por não ser comestível, o pinhão-manso tem sido promovido a uma potencial fonte para produção de combustível. Achten *et al.* (2010), relataram que *Jatropha curcas L.* ainda deve ser considerada uma espécie não-domesticada. Estes mesmos autores citam que para usar todo o potencial produtivo da espécie, ainda é necessário um trabalho de seleção sistemática e domesticação.

Nesta etapa, a produção de descritores morfológicos que contribuem para melhor conhecer a espécie são muito úteis. Descritores morfológicos tem sido propostos por Reis *et al.* (2015) e Fey *et al.* (2014), porém, nenhum destes abordam questões específicas relacionadas ao estudo aprofundado da arquitetura da planta de pinhão-manso, portanto, a busca por novos descritores, no momento, se faz necessário. Entender a arquitetura das plantas de pinhão-manso é de grande importância no melhoramento da espécie, visto que as inflorescências são produzidas em ramos novos na planta (ALBUQUERQUE *et al.*, 2008).

O pinhão-manso é um arbusto de porte médio, e possui, geralmente, uma arquitetura de planta muito ramificada, contendo várias bifurcações onde se desenvolvem novos ramos. Plantas desprovidas de ramificação também são encontradas na espécie. Caules e ramificações em pinhão-manso são, via de regra, sinuosas, e por isso, dificultam a análise das plantas no campo e, portanto, o entendimento do comportamento e a relação entre as variáveis mensuradas no caule e copa das plantas. Fey *et al.* (2014) relataram dificuldades na estimação de caracteres relacionados a arquitetura de plantas em pinhão-manso, e propuseram a utilização de avaliações indiretas para mensuração destes caracteres. No caso do pinhão-manso a análise de imagens digitais das plantas pode se constituir em uma excelente

alternativa, principalmente, por esta espécie ser caducifólia, o que permite a obtenção de imagens que descrevam em detalhes as ramificações nas plantas.

A análise de imagens vem ganhando importância em vários campos da pesquisa agrícola, como por exemplo na determinação da cobertura do solo ( VARELLA *et al.*, 2002) e determinação de área foliar ( TAVARES JUNIOR *et al.*, 2002). No melhoramento de plantas, a análise de imagem consiste em uma nova ferramenta para realização da fenotipagem. Cobb *et al.* (2013) relataram que ao contrário da genotipagem, que agora é altamente mecanizada e essencialmente uniforme entre os organismos, a fenotipagem ainda é muito trabalhosa por não apresentar ferramentas padronizadas que economizem tempo e recursos. Ainda de acordo com os mesmos autores, a fenotipagem tem substituído a genotipagem como o maior gargalo operacional para as análises genéticas. Dessa forma, a análise de imagens digitais se torna uma ferramenta que vem adicionar eficiência e rapidez no processo da fenotipagem.

No presente trabalho objetivou-se estudar o comportamento de 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta quanto a variáveis relacionadas à arquitetura de plantas, obtidas por análise de imagem digital.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Local do desenvolvimento das atividades e material vegetal**

Todas as coletas de dados e análises de imagem e estatísticas foram realizadas no Departamento de Fitotecnia, pertencente ao Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), no município de Seropédica, RJ (22°45' S; 43° 41' W).

Utilizou-se no presente experimento 10 famílias de meios-irmãos com 1 ano e 6 meses de idade pertencentes a Coleção de Germoplasmas de Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) da UFRRJ, identificadas como: UFRRJ/FMI346 (Genitor materno código 346/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI355 (Genitor materno código 355/procedência: Bom Jardim, RJ), UFRRJ/FMI383 (Genitor materno código 383/procedência: Rio Verde, GO), UFRRJ/FMI858 (Genitor materno código 858/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI860 (Genitor materno código 860/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI869 (Genitor materno código 869/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI872 (Genitor materno código 872/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI874 (Genitor materno código 874/procedência: Janaúba, MG), UFRRJ/FMI875 (Genitor materno código 875/procedência: Janaúba, MG) e UFRRJ/FMI002 (Genitor materno código 002/procedência: Petrolina, PE).

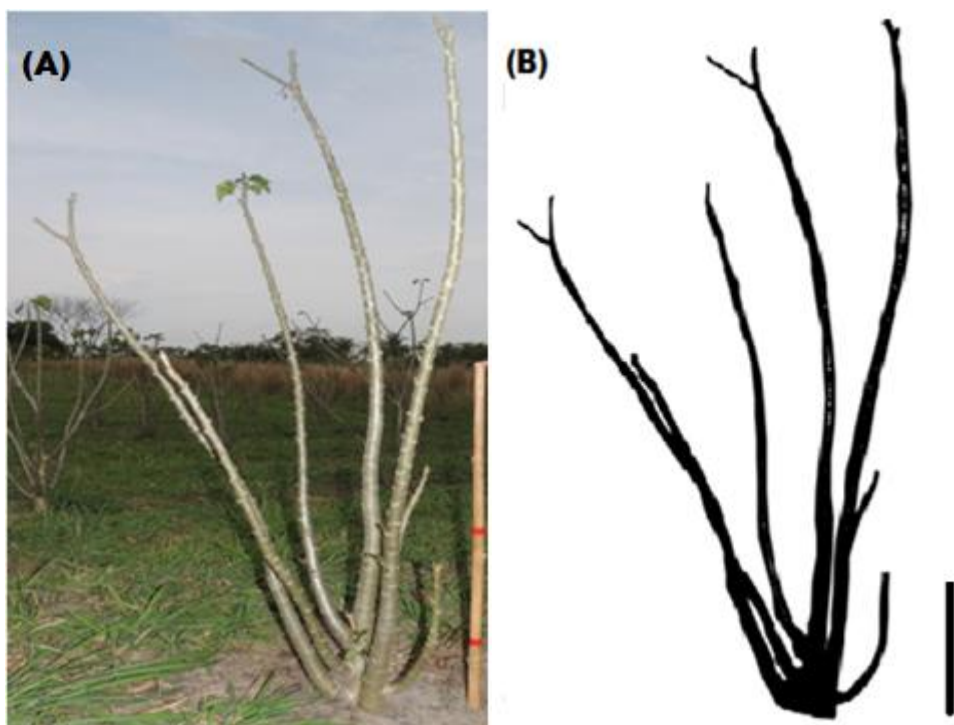
### **2.2. Condições de plantio e delineamento experimental**

Após correção da acidez do solo, as 10 famílias foram plantadas em fevereiro de 2012, seguindo o delineamento inteiramente casualizado, contendo 15 repetições, totalizando 150 plantas no experimento. O espaçamento utilizado foi de 2,5 metros entre plantas dentro da fileira e 3 metros entre fileiras. Portanto, foi utilizada uma área de 1.200 m<sup>2</sup>, ou aproximadamente, 0,12 hectares. Todas as adubações, tanto de plantio quanto de manutenção foram realizadas conforme recomendações para a cultura (Silva, 2006).

### **2.3. Captura, processamento e preparo das imagens digitais para análise**

A captura das imagens de alta resolução foram realizadas com o auxílio de câmera digital da marca NIKON, modelo COOLPIX P510, entre os dias 27 a 30 de setembro de 2013, quando as plantas apresentavam-se totalmente desprovidas de folhas (Figura 1A). Ao lado de cada planta foi posicionada uma escala, com marcação conhecida de 30 cm, em uma estaca de madeira, posicionada num ângulo de 90° com o solo (Figura 1A). Dessa forma, cada fotografia da planta foi acompanhada de uma escala.

Em seguida, no Programa ImageJ, versão 1.42q (RASBAND, 2002), definiu-se, a partir da escala conhecida, o número de pixels por centímetro, e após, mediante aplicação de filtros sequenciais todas as imagens das plantas foram binarizadas (Figura 1B).



**Figura 1:** Ramificação em pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). (A) - Imagem da planta pertencente a família 346 mostrando no canto direito inferior a escala para calibração; (B) - Resultado do processamento e binarização da planta ao lado na mesma Figura 1A.

#### 2.4. Análise das imagens digitais processadas e obtenção das variáveis

Com as ferramentas disponíveis no menu *analyze* do Programa *ImageJ*, foi possível estimar as seguintes variáveis:

- a. *Altura das plantas em centímetros (ALT)*: com o auxílio da ferramenta *straight line*, a altura foi medida entre a base do caule (solo) e a extremidade superior do ramo mais alto.
- b. *Diâmetro do caule na parte basal da planta (DBC)*: com a ferramenta *straight line* o diâmetro do caule foi medido, em centímetros, a partir da região do colo da planta a uma altura máxima de 10 cm da base do caule (solo).
- c. *Diâmetro de copa em centímetros (DCO)*: com a ferramenta *straight line* o diâmetro da copa foi medido entre os dois ramos mais distantes da copa da planta.
- d. *Somatório do comprimento total dos ramos em centímetros (SCR)*: com o auxílio da ferramenta *segmented line* percorreu-se todos os ramos das planta, somando-se portanto, todos os ramos contidos na planta.
- e. *Número de ramos aos 50 cm de altura (NR50)*: foi obtido pela contagem do número de ramos na planta a uma altura de 50 cm.
- f. *Ângulo de abertura do dossel da planta (AAB)*: foi obtido pelo encontro na base central da planta de duas semirretas, que passam pelos dois ramos mais extremos dos lados opostos da planta. A ferramenta utilizada na análise foi a ferramenta *angle tool*.
- g. *Número de bifurcações totais na planta (NBI)*: obtido pela quantificação do número total de bifurcações na planta.
- h. *Média da altura das bifurcações (MAB)*: com o auxílio da ferramenta *straight line* estimou-se a média do somatório das alturas de todas as bifurcações na planta.
- i. *Número de ramos acima da média da altura das bifurcações (NRAcwab)*: número de ramos contados acima da altura determinada em MAB.
- j. *Número de ramos abaixo da média da altura das bifurcações (NRAbwab)*: número de ramos contados abaixo da altura determinada em MAB.
- l. *Área plana da planta (APL)*: mensurada com funções disponíveis em *analyze particles*.

## 2.5. Análises estatísticas

Todas as análises foram realizadas no Programa GENES, versão 2.0.0 (CRUZ, 2007). O modelo estatístico em delineamento inteiramente casualizado utilizado foi o fixo, com 10 tratamentos (famílias de meios-irmãos) e 15 repetições (plantas).

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}, \text{ onde:}$$

$Y_{ij}$  = valor observado referente ao i-ésimo genótipo da j-ésima repetição;



$\mu$  = constante geral;

$g_i$  = efeito fixo do i-ésimo genótipo;

$e_{ij}$  = erro experimental dentro da parcela.

**Quadro 2.** Esquema da análise de variância para as características aqui avaliadas em *Jatropha curcas*.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Tratamentos	G - 1	QMtrat.	$\varepsilon^2 + k.\sigma_g$	QMtrat./QMres.
Resíduo	(G - 1).r	QMres.	$\phi^2$	

$$\text{Sendo } K = \frac{N - \frac{1}{N} \sum n_i^2}{g-1}$$

Inicialmente, todas as estimativas das variáveis foram submetidas ao teste de normalidade dos erros e a homogeneidade de variâncias. Variáveis que não tiveram distribuição normal e variâncias heterogêneas foram transformadas pelo estimador abaixo, e em seguida foram submetidas as análises de variância.

$$X = \sqrt{(x)}$$

A partir das estimativas obtidas na anova estimou-se os seguintes parâmetros estatísticos e genéticos:

Coefficiente de variação experimental:

$$\hat{CV}_e = (100.\sqrt{\hat{\sigma}^2}) / \hat{\mu}$$

Coefficiente de variação genotípico:

$$\hat{CV}_g = (100.\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}) / \hat{\mu}$$

Coefficiente de determinação genotípico:

$$H^2 = (QMg - QMr) / QMg$$

Índice de variação:

$$\hat{IV} = \hat{CV}_g / \hat{CV}_e$$

Todas as médias dos tratamentos foram submetidas ao teste Tukey ao nível de 5% de probabilidade, conforme estimador apresentado abaixo:

$$\Delta = \sqrt{QMr / r}$$

A fim de se obter melhor entendimento sobre a arquitetura do caule, correlacionou-se as variáveis morfológicas com outras quatro variáveis relacionadas a produção de grãos, nas quais foram estimadas como segue abaixo:

- . *Número de frutos (NFR)*: obtido pela contagem do número total de frutos produzidos pela planta.
- . *Número de sementes (NSE)*: pela contagem do número total de sementes produzidas pela planta.
- . *Produção de grãos por planta (PGP)*: obtida pela pesagem das sementes, em gramas, por planta em balança digital de precisão.
- . *Peso médio de semente (PMS)*: obtido pelo peso médio de 100 sementes por planta.

As estimativas de correlações foram obtidas através do método de Pearson (STELL *et al.*, 1980), conforme descrito a seguir:

$$r = Cov_{xy} / \sqrt{\sigma_x^2 \cdot \sigma_y^2}$$

## 2.6. Classificação quanto à arquitetura de planta e tipo de ramificação

Utilizou-se a metodologia proposta por Reis (2013) para realizar uma classificação qualitativa das características arquitetura de planta e tipo de ramificação. Portanto, utilizou-se para classificar a arquitetura de plantas em pinhão-manso, três categorias: ereta, fechada e aberta. Já para “tipo de ramificação” utilizou-se quatro categorias: ausência de ramificação, monopodial, dicasial e simpodial.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base na classificação quanto à arquitetura de plantas em pinhão-manso proposta por Reis (2013), pode-se observar na Tabela 1 que as famílias analisadas não possuem um padrão claro e bem definido. Tal fato pode decorrer da segregação alélica das variáveis que compõem a arquitetura de planta nestas famílias, o que é perfeitamente compreensível quando se tenta tratar algo que é extremamente quantitativo, em qualitativo. Na verdade, a ramificação de uma planta é formada por um conjunto de variáveis quantitativas, e que estão, portanto, sob influência do ambiente. Dessa forma, no presente trabalho, considerar a ramificação das plantas como um conjunto de variáveis é a solução correta. A classificação qualitativa da arquitetura poderá ser aplicada, porém, em estádios posteriores, e assim a decisão atual poderá ser repensada, visto que com novas seleções espera-se maior uniformidade das progênes quanto à ramificação das plantas. Quanto ao tipo de ramificação, observa-se um padrão bem definido (Tabela 1), porém essa variável é qualitativa, e não quantitativa como a arquitetura de planta.

As variáveis número de ramos contados aos 50 cm de altura (NR50), número de bifurcações no caule (NBI), número de ramos acima (NRAcma) e abaixo (NRAbma) da média da altura das bifurcações, área total da planta (APL) e diâmetro da base do caule (DBC) foram transformadas, e em seguida submetidas a análise de variância juntamente com as demais variáveis.

Na Tabela 2 pode-se observar, com exceção apenas do número de ramos avaliados na altura de 50 cm (NR50), que todas as variáveis apresentaram diferenças estatísticas significativas entre todos os tratamentos. Dessa forma, há diferenças entre as famílias de pinhão-manso aqui estudadas. Os coeficientes de variação foram adequados ao procedimento estatístico adotado.

De forma geral, no presente experimento, uma planta de pinhão-manso apresentou uma média de 1,81 metros (ALT), e alcançou um máximo de 2,63 m e um mínimo de 93 cm de altura (Tabela 2). Reis *et al.* (2015) trabalhando com germoplasmas de pinhão-manso constataram que houveram plantas com idade de três anos, cuja altura mínima e máxima foram, respectivamente, de 1,79 e 2,42 metros. Identificou-se também que o maior número de bifurcações (NBI) em uma planta foi 18, sendo a média geral de 6,41 bifurcações. NBI assumiu o valor zero para plantas sem bifurcação. O número de bifurcações é um importante

parâmetro quando se pretende inferir sobre o número de ramos futuros em uma dada planta ou genótipo, pois NBI se trata de uma inferência indireta do número de ramos na planta, ou seja, apesar de haver bifurcações, a ramificação (ramo) pode ou não ter sido vista, e portanto, computada.

**Tabela 1.** Proporções de tipos de arquitetura de planta e tipos de ramificação dentro de 10 famílias de meios-irmãos de *Jatropha curcas* L.

Família	Arquitetura da planta				Tipo de Ramificação		
	Ereta	Fechada	Aberta	Ausência	Monopodial	Dicasial	Simpodial
FMI-PM346	13,33	73,34	13,33	-	6,67	-	93,33
FMI-PM355	6,67	60	33,33	-	-	-	100
FMI-PM383	13,33	66,67	20	-	-	-	100
FMI-PM858	20	66,67	13,33	-	-	-	100
FMI-PM860	46,67	46,67	6,66	-	-	-	100
FMI-PM869	26,67	73,33	-	-	-	-	100
FMI-PM872	13,33	66,67	20	-	-	-	100
FMI-PM874	40	60	-	-	-	-	100
FMI-PM875	53,33	46,67	-	6,67	-	-	93,33
FMI-PM002	6,67	86,66	6,67	-	-	-	100
Porcentagem Total	24,00	64,67	11,33	0,67	0,67	0	98,66

Conforme Tabela 3, nota-se que a família 872 foi a que apresentou a maior média de altura de plantas (ALT) e a maior média do número de bifurcações por planta, respectivamente de 2,10 m e 10,33 bifurcações (NBI). Interessante também foi observar que a família 875 apresentou as menores médias de ALT e NBI, respectivamente de 1,51 m e 3 bifurcações. Deve-se dizer que, a família 875 não diferiu estatisticamente de 355 para a variável ALT.

Tanto ALT quanto NBI apresentaram índices de variação de 0,52 e 0,78, respectivamente, indicando que existe variabilidade genética para essas variáveis dentro da população (Tabela 2). Sunil *et al.* (2008) avaliaram a altura de plantas em germoplasmas *in situ* de pinhão-mansão em quatro diferentes regiões da península indiana, e identificaram a formação de dois grupos distintos. Um grupo apresentou 57% das plantas avaliadas com

menos de 1,5 metros de altura, e o outro, com 43%, apresentou altura inferior a 1,5 metros de altura. De forma geral, no presente trabalho, a altura das plantas (ALT) e o número de bifurcações (NBI), apresentaram, respectivamente, coeficientes de determinação genotípicos da ordem de 80,44 e 90,20% (Tabela 2), informando que o controle genético destas variáveis são mais devidas a causas genéticas do que ambientais. Essas estimativas indicam a possibilidade de sucesso na seleção de plantas e/ou famílias quando se pretende o aumento ou a redução da altura de planta e do número de bifurcações nas plantas. Tanto Laviola *et al.* (2010) quanto Rao *et al.* (2008) obtiveram altas herdabilidades para altura de plantas em pinhão-mansão, sendo respectivamente de 79 e 88%.

A redução do porte de planta no melhoramento do pinhão-mansão é realmente importante, porém, a redução não pode vir acompanhada da redução do número de bifurcações. Na Tabela 4 observa-se que a correlação entre ALT e NBI foi de 0,52, portanto, uma estimativa até razoável que pode indicar que o aumento ou redução da altura de plantas implica, respectivamente, em redução e aumento do número de bifurcações. Neste sentido, as famílias 858 e 869 têm porte reduzido, porém, apenas uma leve redução do número de bifurcações, quando comparadas à família 872, com maior porte e mais bifurcada (Tabela 3).

Buscando-se conhecer a região de maior ramificação no caule das plantas analisadas de pinhão-mansão, mensurou-se a altura de todas as bifurcações na planta, possibilitando a estimação da altura média das bifurcações (MAB), e em seguida, contou-se o número de ramificações abaixo (NRAbmab) e acima (NRAcwab) desta média. Assim sendo, na Tabela 2, observa-se que as bifurcações ocorrem a uma altura média (MAB) de 76,87 cm na planta, o que indica que as bifurcações nas plantas começam a serem produzidas (ou ramificarem) mais próximas à base do caule destas. Plantas sem bifurcação (NBI = zero) atribuiu-se o valor zero para MAB. A partir das estimativas da média do número de ramos acima de MAB (NRAcwab) e abaixo (NRAbmab), respectivamente de 9,43 e 6,68 ramos (Tabela 2), pode-se inferir que um maior número de ramos é observado a uma altura superior a 76,87 cm (MAB) nas plantas. As estimativas de correlação corroboram com tal constatação, quando se observa, na Tabela 4, indicando maior correlação entre número de bifurcações (NBI) e número de ramos acima de MAB (NRAcwab), do que abaixo (NRAbmab) de MAB.

A família 872 apresentou as maiores médias da altura das bifurcações (MAB), NRAcwab e NRAbmab, respectivamente de 96,80 cm, 14,40 e 8,80 ramos. Entre os tratamentos, a menor MAB foi estimada na família 355 (50,20 cm), porém não diferiu estatisticamente de todas as demais famílias, exceção apenas para a 872. Vale ressaltar, como

já mencionado, que a família 872 alcançou as maiores médias também para ALT e NBI. Na Tabela 4, pode-se observar que o aumento da altura de planta (ALT) implica em aumento da média da altura das bifurcações (MAB), e em uma estimativa menor, implica também no aumento do número de ramos acima (NRAc<sub>mab</sub>) e abaixo (NRAb<sub>mab</sub>) de MAB. As famílias 858 e 869 também obtiveram médias superiores para número de ramos acima (NRAc<sub>mab</sub>) e abaixo (NRAb<sub>mab</sub>) de MAB (Tabela 3), e como já mencionado, porte inferior à família com maior NBI (872).

Os índices de variação (IVg) estimados para NRC<sub>mab</sub> e NRAb<sub>mab</sub> foram de, respectivamente, 0,67 e 0,46 (Tabela 2), indicando que NRC<sub>mab</sub> apresenta maior variabilidade genética do que NRAb<sub>mab</sub>. Os coeficientes de determinação genotípico ( $H^2$ ) para NRC<sub>mab</sub> e NRAb<sub>mab</sub> foram de 86,92 e 75,66%, enquanto que o número de ramos contados aos 50 cm de altura na planta (NR50), foi estimado em 10,41% (Tabela 2). Vale ressaltar, primeiramente, que estas variáveis corresponderam à contagem de ramos na planta, e fica nítido, a partir das estimativas de  $H^2$  a possibilidade de obtenção de sucesso na seleção de plantas, com maior ou menor número de ramos, quando esta é realizada sob as variáveis NRC<sub>mab</sub> e NRAb<sub>mab</sub>, e não sob NR50. Tal conclusão decorre do fato de que o número de ramos contados aos 50 cm de altura (NR50) possui baixa correlação com o número de bifurcações na planta (NBI) ( $r = 0,38$ ) (Tabela 4). Ribeiro (2013) encontrou herdabilidades negativas para número de ramos em pinhão-manso. Segundo este autor, estas herdabilidades, podem ter sido obtidas em função da alta heterozigose dos genótipos nas progênies, já que a espécie é, provavelmente alógama, bem como pela idade fisiológica das plantas em estudo, e neste caso, parte das variâncias genéticas obtidas para número de ramos, podem ter sido confundidas com variâncias ambientais embutidas no cálculo.

**Tabela 2.** Análise de Variância com dados transformados de 11 características vegetativas em 150 genótipos de *Jatropha curcas* L.

FV	GL	ALT	DCO	NR50	NBI	MAB	NRAcmab	NRAbmab	SCR	AAB	APL	DBC
Tratamento	9	0,0000**	0,0000**	0,3552 <sup>NS</sup>	0,0000**	0,0048**	0,0000**	0,0001**	0,0000**	0,0043**	0,0000**	0,0001**
Residuo	140	1018,94	797,41	0,11	0,30	1106,17	0,34	0,22	5,96	71,19	93,13	57,63
Média		181,20	93,69	5,77	6,41	76,87	9,43	6,68	7,17	38,12	3928,00	4,68
Média t		181,16	93,69	2,38	2,44	76,87	2,99	2,54	7,17	38,12	61,67	2,16
Mínimo		93,00	29,00	3,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,98	17,92	1438,00	2,44
Máximo		263,00	178,00	12,00	18,00	158,00	22,00	15,00	14,67	61,73	8869,00	8,62
CV(%)		17,62	30,14	14,05	22,40	43,27	19,58	18,30	34,06	22,13	15,65	11,18
H <sup>2</sup>		80,44	76,56	10,41	90,20	64,25	86,92	75,66	77,67	64,72	85,14	76,31
rI		21,51	17,88	0,77	38,02	10,70	30,70	17,16	18,83	10,90	27,64	17,68
CVg		9,22	14,06	1,24	17,54	14,98	13,03	8,33	16,40	7,74	9,67	5,18
IVg		0,52	0,47	0,09	0,78	0,35	0,67	0,46	0,48	0,35	0,62	0,46

**Legenda:** \*\* diferença estatística significativa a 1% de probabilidade; <sup>NS</sup> não há diferença estatística significativa; Média t – média transformada; CV(%) – coeficiente de variação experimental; H<sup>2</sup> - coeficiente de determinação genotípico; rI – correlação intraclasse; CVg – coeficiente de variação genotípico; IVg – índice de variação. ALT – Altura da Planta (cm); DCO – Diâmetro de Copa (cm); NR50 – Número de Ramos à 50 cm de altura; NBI – Número de Bifurcações; MAB – Média da altura das bifurcações (cm); NRAcmab – Número de Ramos acima da altura média das bifurcações; NRAbmab – Número de Ramos abaixo da altura média das bifurcações; SCR – Somatório do Comprimento dos Ramos (m); AAB – Ângulo de abertura do dossel da planta (graus); APL – Área ocupada pela planta na imagem (cm<sup>2</sup>) ; DBC – Diâmetro da base do caule ( cm).

Na Tabela 2 pode-se observar que a média geral do diâmetro da copa de planta (DCO) para o pinhão-manso foi de 93,69 cm, tendo plantas com diâmetro mínimo de 29 cm e máximo de 178 cm. Na Tabela 4 é possível observar uma correlação mediana e positiva da ordem de 0,51 entre o DCO e o ângulo de abertura do dossel da planta (AAB). Esta correlação indica apenas uma leve tendência do dossel da planta abrir e resultar em plantas com diâmetro de copa maiores, ou seja, o ângulo de abertura dos ramos inferiores na planta não é uma variável tão determinante na abertura do diâmetro da copa, visto que plantas com diâmetros de copa grandes ou pequenos podem ter o mesmo ângulo de abertura do dossel, porém, a altura de plantas nesse caso é determinante. As variáveis número de ramos acima de MAB (NRAcma) e abaixo de MAB (NRAbma) apresentaram maior correlação com o diâmetro de copa do que com o ângulo de abertura do dossel.

A família que apresentou maior DCO foi a 872 (115,67 cm), não diferindo estatisticamente pelo Teste Tukey ao nível de 5% de probabilidade das famílias 869, 858, 383, 346, 002 e 355. A família com menor diâmetro foi a 875, diferindo estatisticamente de todas as demais (Tabela 3).

Ressalta-se novamente, que, além do DCO, a família 872 também obteve as maiores médias para altura de plantas (ALT), número de bifurcações (NBI), média da altura das bifurcações (MAB), e número de bifurcações acima de MAB (NRAcma) e abaixo de MAB (NRAbma). A família 875 novamente obteve as menores médias também para as mesmas variáveis anteriormente citadas. As famílias 858, 383 e 355 apresentaram as maiores médias para abertura do dossel da planta (AAB), porém, não diferiram estatisticamente da família 872. Ao contrário do comportamento das famílias nas variáveis ALT, NBI, MAB, NRAcma, NRAbma e DCO, as famílias 872 e 875 não diferiram estatisticamente das famílias de maiores médias de AAB. As estimativas apresentadas na Tabela 4 indicam baixa correlação entre o ângulo de abertura do dossel da planta com as variáveis citadas anteriormente, exceção apenas para DCO. Assim sendo, a variável ângulo de abertura do dossel da planta (AAB) não se faz adequada e/ou não se recomenda para efeito de seleção indireta sobre quaisquer variáveis.



**Tabela 3 :** Tabela de Comparação de Médias para 11 características vegetativas entre 10 famílias de meios-irmãos de *Jatropha curcas L.* pelo Teste de Tukey a 5 % de probabilidade.

Tratamentos	Características										
	ALT	DCO	NR50	NBI	MAB	NRAcmab	NRAbmab	SCR	AAB	APL	DBC
<b>FMI-PM346</b>	190,80 <b>ab</b>	95,73 <b>abc</b>	6,13 <b>a</b>	4,73 <b>de</b>	89,07 <b>ab</b>	7,40 <b>bc</b>	7,00 <b>abc</b>	7,34 <b>abc</b>	36,64 <b>ab</b>	4190,93 <b>a</b>	4,23 <b>bc</b>
<b>FMI-PM355</b>	152,13 <b>c</b>	89,40 <b>abc</b>	6,13 <b>a</b>	5,20 <b>cde</b>	50,20 <b>b</b>	8,47 <b>bc</b>	5,67 <b>bc</b>	6,03 <b>bc</b>	42,21 <b>a</b>	2752,39 <b>bc</b>	4,02 <b>bc</b>
<b>FMI-PM383</b>	185,67 <b>abc</b>	105,73 <b>ab</b>	5,60 <b>a</b>	7,20 <b>abcd</b>	84,40 <b>ab</b>	10,40 <b>ab</b>	7,00 <b>abc</b>	7,36 <b>abc</b>	40,96 <b>a</b>	4691,25 <b>a</b>	5,07 <b>ab</b>
<b>FMI-PM858</b>	191,07 <b>ab</b>	108,93 <b>ab</b>	5,93 <b>a</b>	8,73 <b>ab</b>	79,13 <b>ab</b>	11,60 <b>ab</b>	7,67 <b>ab</b>	8,45 <b>ab</b>	44,19 <b>a</b>	4822,28 <b>a</b>	5,21 <b>ab</b>
<b>FMI-PM860</b>	170,60 <b>bc</b>	79,00 <b>bc</b>	5,00 <b>a</b>	5,53 <b>bcd</b>	75,40 <b>ab</b>	8,67 <b>b</b>	5,27 <b>bc</b>	6,16 <b>bc</b>	36,30 <b>ab</b>	3970,06 <b>ab</b>	4,91 <b>abc</b>
<b>FMI-PM869</b>	194,93 <b>ab</b>	102,27 <b>ab</b>	6,13 <b>a</b>	8,00 <b>abc</b>	78,60 <b>ab</b>	10,47 <b>ab</b>	7,00 <b>abc</b>	7,49 <b>abc</b>	36,57 <b>ab</b>	3971,23 <b>ab</b>	5,56 <b>a</b>
<b>FMI-PM872</b>	210,13 <b>a</b>	115,67 <b>a</b>	6,13 <b>a</b>	10,33 <b>a</b>	96,80 <b>a</b>	14,40 <b>a</b>	8,80 <b>a</b>	9,56 <b>a</b>	38,31 <b>ab</b>	4596,47 <b>a</b>	5,04 <b>ab</b>
<b>FMI-PM874</b>	185,80 <b>abc</b>	81,47 <b>bc</b>	5,27 <b>a</b>	5,13 <b>cde</b>	85,67 <b>ab</b>	7,93 <b>bc</b>	6,33 <b>abc</b>	6,17 <b>bc</b>	31,04 <b>b</b>	3659,9 <b>abc</b>	4,34 <b>abc</b>
<b>FMI-PM875</b>	151,07 <b>c</b>	66,93 <b>c</b>	5,33 <b>a</b>	3,00 <b>e</b>	55,80 <b>b</b>	5,87 <b>c</b>	5,20 <b>c</b>	5,06 <b>c</b>	36,99 <b>ab</b>	2515,07 <b>c</b>	3,79 <b>c</b>
<b>FMI-PM002</b>	179,40 <b>abc</b>	91,8 <b>abc</b>	6,00 <b>a</b>	6,27 <b>bcd</b>	73,60 <b>ab</b>	9,47 <b>b</b>	7,20 <b>ab</b>	8,02 <b>ab</b>	37,99 <b>ab</b>	4110,21 <b>a</b>	4,6 <b>abc</b>
<b>Média</b>	181,16	93,69	5,77	6,41	76,87	9,47	6,71	7,17	38,12	3927,98	4,68

**Legenda:** ALT – Altura da Planta (cm); DCO – Diâmetro de Copa (cm); NR50 – Número de Ramos à 50 cm de altura; NBI – Número de Bifurcações; MAB – Média da altura das bifurcações (cm); NRAcmab – Número de Ramos acima da altura média das bifurcações; NRAbmab – Número de Ramos abaixo da altura média das bifurcações; SCR – Somatório do Comprimento dos Ramos (m); AAB – Ângulo de abertura do dossel da planta (graus); APL – Área ocupada pela planta na imagem (cm<sup>2</sup>) ; DBC – Diâmetro da base do caule (cm). DMS – Diferença Mínima Significativa.

A redução da copa de planta é uma excelente alternativa quando se pretende aumentar o número de plantas por hectare, seja pela simples redução do espaçamento quanto pelo adensamento do plantio. O diâmetro de copa (DCO) apresentou índice de variação ( $IV_g$ ) da ordem de 0,47 (Tabela 2) indicando uma mediana variabilidade na população, principalmente, quando comparado com o número de bifurcações (NBI), número de bifurcações acima de MAB (NRAcmaB) e área de planta (APL) (Tabela 2). A variável DCO mostrou-se também mais influenciada por questões genótípicas do que ambientais, visto a estimativa do coeficiente de determinação genotípico ( $H_2$ ), estimado em 76,56%. Dessa forma, o sucesso na seleção de plantas com diâmetro de copa menores ou reduzido pode ser perfeitamente alcançado.

O índice de variação ( $IV_g$ ) estimado para a variável diâmetro da base do caule (DBC) foi da ordem de 0,46, enquanto que o coeficiente de determinação foi estimado em 76,31% (Tabela 2). Abreu *et al.* (2009) estimaram a herdabilidade em 76% para a mesma variável em plantas na fase juvenil de pinhão-manso. Já Ginwal *et al.* (2004), relataram a ocorrência de variabilidade genética e altos valores de herdabilidade no sentido amplo para diâmetro do caule em pinhão-manso. Estas estimativas indicam que há variabilidade genética para o caráter, porém, mediana a baixa, e que o mesmo caráter sofre mais influência do genótipo do que do ambiente. Deve-se mencionar que DBC apresentou correlações baixas com todas as demais variáveis (Tabela 4). De posse destes resultados verifica-se que a seleção direta sobre o caráter não necessariamente influenciará outros caracteres morfológicos de importância como os estudados no presente trabalho. Considerando apenas os caracteres morfológicos clássicos, a maior correlação de DBC foi com altura de plantas (ALT), porém, ainda baixa (Tabela 4). Assim sendo, um diâmetro maior ou menor não necessariamente implica em uma planta mais alta ou mais baixa, com mais ou menos bifurcações, com dossel mais aberto ou fechado, por exemplo.

**Tabela 4.** Matriz de correlações entre as 15 variáveis analisadas ( 4 reprodutivas e 11 vegetativas) encontrada em 150 genótipos de 10 famílias de meios-irmãos da Coleção de Germoplasma de *Jatropha curcas* da UFRRJ.

	NFR	NSE	PMS	PGP	ALT	DCO	NR50	NBI	MAB	NRAcwab	NRAbwab	SCR	AAB	APL	DBC
NFR	1,00	0,99	0,24	0,97	0,16	0,19	0,09	0,08	0,18	0,23	0,19	0,24	0,01	0,20	0,07
NSE		1,00	0,24	0,97	0,15	0,19	0,09	0,07	0,18	0,21	0,19	0,24	0,01	0,20	0,06
PMS			1,00	0,32	0,21	0,27	0,12	0,10	0,25	0,18	0,14	0,24	0,01	0,09	0,09
PGP				1,00	0,15	0,17	0,09	0,05	0,17	0,20	0,18	0,24	-0,01	0,16	0,03
ALT					1,00	0,64	0,17	0,52	0,72	0,50	0,53	0,72	-0,09	0,86	0,46
DCO						1,00	0,32	0,69	0,49	0,71	0,60	0,76	0,51	0,71	0,30
NR50							1,00	0,38	-0,03	0,44	0,55	0,51	0,33	0,09	0,02
NBI								1,00	0,34	0,89	0,69	0,61	0,31	0,55	0,38
MAB									1,00	0,37	0,51	0,47	-0,12	0,66	0,20
NRAcwab										1,00	0,76	0,72	0,38	0,55	0,30
NRAbwab											1,00	0,69	0,27	0,48	0,15
SCR												1,00	0,32	0,69	0,36
AAB													1,00	0,09	-0,07
APL														1,00	0,44
DBC															1,00

**Legenda:** NFR – Número de Frutos; NSE – Número de Sementes; PMS – Peso Médio de Semente (grama/semente); PGP – Produção de grãos por planta (grama/planta); ALT – Altura da Planta (cm); DCO – Diâmetro de Copa (cm); NR50 – Número de Ramos à 50 cm de altura; NBI – Número de Bifurcações; MAB – Média da altura das bifurcações (cm); NRAcwab – Número de Ramos acima da altura média das bifurcações; NRAbwab – Número de Ramos abaixo da altura média das bifurcações; SCR – Somatório do Comprimento dos Ramos (m); AAB – Ângulo de abertura do dossel da planta (graus); APL – Área ocupada pela planta na imagem (cm<sup>2</sup>) ; DBC – Diâmetro da base do caule ( cm).

A média geral do somatório do comprimento dos ramos (SCR) por planta foi de 7,17 m, sendo que a planta com o maior comprimento obteve 14,67 m, e a menor, 1,98 m, portanto, uma enorme discrepância. A área média da planta (APL) foi estimada em 0,39 m<sup>2</sup>, havendo plantas com um máximo de 0,88 m<sup>2</sup> e o mínimo de 0,14 m<sup>2</sup> (Tabela 2). A correlação entre SCR e APL não foi tão alta como esperado ( $r = 0,69$ ) (Tabela 4). Esta estimativa pode ser justificada pelo fato de que existam plantas com alto APL (área) e ramos com maior diâmetro, causando, não necessariamente um aumento no somatório do comprimento dos ramos (SCR). Neste caso, o aumento da área é provocado em parte pelo aumento do diâmetro dos ramos, e não somente pelo simples aumento do comprimento dos ramos. Na Tabela 4 é possível observar que a área da planta (APL) foi mais influenciada pela altura de plantas (ALT) ( $r=0,86$ ).

Quando comparado com o somatório do comprimento dos ramos (SCR), a área de planta (APL) apresentou a maior variabilidade genética na população, sendo, respectivamente, de 0,48 e 0,62 (IVg) (Tabela 2). As estimativas do coeficiente de determinação genotípico tanto para APL quanto para SCR apontam para um processo de seleção consistente (85,14 e 77,67, respectivamente) (Tabela 2).

Na tabela 4, observa-se que a produção de grãos por planta (PGP) correlacionou-se de forma contundente apenas com número de frutos (NFR) e de sementes (NSE), já com o peso médio de sementes (PMS) apresentou baixa correlação ( $r = 0,32$ ). Reis *et al.* (2015) informaram que o peso médio de sementes apresentou correlação negativa com a produção de óleo na cultura. Ribeiro (2013) relata que a seleção de plantas com um maior número de ramos e frutos maiores pode contribuir para o aumento da produção em *Jatropha curcas*.

Dentre os aspectos relacionados à arquitetura de caule aqui estudados, a produção de grãos por planta (PGP) obteve correlações relativamente baixas com todas as variáveis, podendo-se destacar apenas o somatório do comprimento dos ramos (SCR) e o número de ramos acima de MAB (NRAcmaB), com correlações estimadas em 0,24 e 0,20, respectivamente. A magnitude das correlações entre produção e aspectos morfológicos, são, via de regra, baixas, pois sabe-se que produção se constitui em um caráter governado por muitos genes, sendo portanto, altamente influenciado por aspectos do ambiente. Reis *et al.* (2015) informaram que a projeção da copa da planta em pinhão-mansão foi a característica que mais se correlacionou com a produção de óleo nas sementes, estimada em 0,41. Além desta característica, os mesmos autores constataram que o diâmetro do caule, número de ramos

totais e comprimento de ramos primários correlacionaram-se positivamente com a produção de óleo nas sementes.

A área da copa (APL) apresentou correlação estimada em 0,16 com PGP. Diante dos resultados acima, verifica-se que as variáveis SCR e NRAc<sub>mab</sub> constitui-se em importantes características que devem ter atenção especial do melhorista de pinhão-manso. Porém, deve-se mencionar que os resultados referentes à produção de grãos aqui obtidos devem ser analisados com ressalvas, visto que na época das avaliações as plantas apresentavam idade de 2 anos, ainda, segundo Arruda *et al.* (2004), abaixo da idade de produção comercial.

#### 4. CONCLUSÕES

A análise digital de imagens se mostrou promissora como ferramenta para determinação de variáveis relacionadas à arquitetura de planta em pinhão-manso. Além de menos laboriosa, a análise de imagens permitiu realizar caracterizações, praticamente, impossíveis de serem realizadas diretamente no campo, como o somatório do comprimento dos ramos (SCR), área da planta (APL) e a média da altura das bifurcações (MAB).

Apenas a variável número de ramos contados na altura de 50 cm (NR50) não foi estatisticamente diferente entre as progênies avaliadas. As variáveis que apresentaram maior influência genética em detrimento da ambiental foram: altura de plantas (ALT), diâmetro de copa (DCO), número de bifurcações (NBI), número de ramos acima da média da altura das bifurcações (NRAcmab), número de ramos abaixo da média da altura das bifurcações (NRAbmab), somatório do comprimento dos ramos (SCR) e área da planta (APL). A seleção sobre estas variáveis é viável e recomendada.

No trabalho em questão observou-se que existe uma correlação mediana da ordem de 0,59 entre a altura de plantas (ALT) e o número de bifurcações (NBI). Portanto, a redução de porte poderá vir acompanhada da redução do número de bifurcações na planta, algo, até o momento, não pretendido em trabalhos de melhoramento. As famílias que apresentaram redução de altura e menor redução de bifurcações foram a 858 e 869.

A produção de grãos por planta (PGP) apresentou baixa correlação com todas as variáveis analisadas. Vale destacar, ainda que baixas, apenas as correlações de PGP com a soma do comprimento total de ramos (SCR) e o número de ramos acima da média das bifurcações (NRAcmab). Correlações mais precisas entre a produção de grãos e as variáveis que compõem a arquitetura de planta poderão ser obtidas a partir da idade de produção das progênies estudadas.

As famílias 872, 869 e 858 obtiveram os maiores valores para a maioria das características vegetativas analisadas, enquanto FMI-PM355 e FMI-PM875 apresentaram os menores valores.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B.; RESENDE, M. D. V. de; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. de. **Variabilidade genética entre acessos de pinhão-manso na fase juvenil**. Magistra, Cruz das Almas-BA, v. 21, n. 1, p. 036-040, 2009.

ACHTEN, W. M. J.; NIELSEN, L. R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A. G.; KJÆR, E. D.; TRABUCCO, A.; HANSEN, J. K.; MAES, W. H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F. K.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v. 1, n. 1, 91–107. 2010. ISSN 1759-7269

AKBAR, E.; YAAKOB, Z; KAMARUDIN, S. K.; ISMAIL, M.; SALIMON, J. Characteristic and Composition of *Jatropha Curcas* Oil Seed from Malaysia and its Potential as Biodiesel Feedstock. **European Journal of Scientific Research**. Vol. 29, n.3, pp.396-403, 2009. ISSN 1450-216X

ALBUQUERQUE, CASTRO, N. H. A.; BELTRÃO, N. E. M.; LUCENA, A. M. A.; ANDRADE, G. A.; CARAMORI, P. H.; SOUZA, F. S.; MARUR, C. J.; RIBEIRO, A. M. A. Temperatura mínima letal para plantas jovens de pinhão-manso. **Bragantia**, Campinas, v.67, n. 3, p. 799-803, 2008.

ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis). Superintendência de Refino, Processamento de Gás Natural e Produção de Biocombustíveis. **Boletim Mensal do Biodiesel**, fevereiro de 2015. 2015. 13 p. [www.anp.gov.br](http://www.anp.gov.br). Acesso em 30 de março de 2015.

ARRUDA, F. P.; BELTRÃO, N. E. M.; ANDRADE, A. P.; PEREIRA, W. E.; SEVERINO, L. S. Cultivo de pinhão-manso (*Jatropha curcas*) como alternativa para o semi-árido nordestino. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 8, n. 1, p. 789-799, 2004. ISSN 1980-4830.

COOB, J. N.; DECLERCK, G.; GREENBERG, A.; CLARK, R.; MCCOUCH, S. Next-generation phenotyping: requirements and strategies for enhancing our understanding of

genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theor Appl Genet**, (2013) 126:867-887. doi: 10.1007/s00122-013-2066-0

CRUZ, C. D. (2007). Programa Genes, versão 2007. Universidade Federal de Viçosa, MG.

FEY, R.; MALAVASI, U. C.; MALAVASI, M. M.; SCHULZ, D. G.; DRANSKI, J. A. L. Relações interdimensionais e produtividade de pinhão-mansó (*Jatropha curcas* L.) em sistema silvipastoril. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 2, p. 613-624, 2014. DOI: 10.5433/1679-0359.2014v35n2p613.

GINWAL, H. S.; RAWAT, P. S.; SRIVASTAVA, R. L. Seed source variation in growth performance and oil yield of *Jatropha curcas* Linn, in Central India. **Silvae Genetica**, v. 53, p. 186-192, 2004.

LAVIOLA, B. G.; ROSADO, T. B.; BHERING, L. L.; KOBAYASHI, A. K. ; RESENDE, M. D. V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, 2010.

PARTHIBAN, K. T.; SELVAN, P.; PARAMATHMA, M., UMESH KANA, S., KUMAR, P., SUBBULAKSHMI, V., VENNILA, S. Physico-chemical characterization of seed oil from *Jatropha curcas* L. genetic resources. **Journal of Ecology and the Natural Environment** Vol. 3(5), pp. 163-167, Maio, 2011. ISSN 2006- 9847.

RAO, G. R.; KORWAR, G. R.; SHANKER, A. K.; RAMAKRISHNA, Y. S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees: Structure and Function**, Berlin, v. 22, p. 697-709, 2008. ISSN 1432-2285.

RASBAND, W. ImageJ [software on the Internet] Version 1.42 q [cited 2002 July 5].



REIS, M. V. M. Lista Preliminar de Descritores, Caracterização Morfoagronômica e Diversidade Genética em Germoplasma de Pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.). Dissertação de Mestrado, UFRRJ, 2013.

REIS, M. V. M.; DAMASCENO JUNIOR, P. C.; CAMPOS, T. de O.; DIEGUES, I. P.; FREITAS, S. C. de. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-mansão (*Jatropha curcas*, L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 412-420, abr-jun, 2015. ISSN 1806-6690.

RIBEIRO, N. V. da S. Comportamento de Progenies de Pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) em Casa de Vegetação e no Campo Quanto a Variáveis Morfoagronômicas. Dissertação de Mestrado, UFRRJ, 2013.

SILVA, A. R. Recomendação técnica da cultura de *Jatropha curcas* L, (Pinhão-mansão) para a produção de biocombustível no Distrito Federal, Boletim Técnico, Planaltina, DF, 2006.42p.

STELL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. **New York: MacGraw-Hill**, 1980.

SUNIL, N.; VARAPRASADA, K. S.; SIVARAJ, N.; SURESH KUMAR, T.; BABU ABRAHAM; PRASAD, R. B. N. Assessing *Jatropha curcas* L. germplasm in-situ - A case study. **Biomass and bioenergy**, 32. 198 – 202. 2008. doi:10.1016/j.biombioe.2007.09.003

TAVARES JUNIOR, J. E.; FAVARIN, J. L.; DOURADO NETO, D.; MAIA, A. H. N.; FAZUOLI, L. C.; BERNARDES, M. L. Análise comparativa de métodos de estimativa de área foliar em cafeeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, 199-203, 2002.

VARELLA, C. A. A.; PINTO, F. A. C.; QUEIROZ, D. M.; SENA JUNIOR, D. C. Determinação da cobertura do solo por análise de imagens e redes neurais. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.6, n.2, p. 255-229, 2002.

## CAPÍTULO II

### DIVERSIDADE GENÉTICA QUANTO A ARQUITETURA DE PLANTAS EM PINHÃO-MANSO A PARTIR DE VARIÁVEIS ESTIMADAS POR ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS

#### RESUMO

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) agrega alta qualidade de óleo e potencial produtivo para produção de biodiesel. Conhecer a variabilidade disponível é imprescindível. Objetivou-se estimar a diversidade quanto à arquitetura de plantas entre 10 famílias de pinhão-manso, com variáveis estimadas por análise digital de imagens. Pela análise digital de imagens estimou-se, por planta, a altura, diâmetro do caule e copa, número e somatório do comprimento dos ramos, número e média da altura das bifurcações, número de ramos abaixo e acima da média da altura das bifurcações, ângulo de abertura do dossel e área plana. A diversidade encontrada para arquitetura de plantas foi mediana entre as famílias. Dentro destas foi verificado que esta apresentou-se distinta, tendo famílias com baixa e alta diversidade. Tal fato sugere que algumas famílias apresentam, em geral, maior fixação de alelos para as variáveis que compõem a arquitetura, conduzindo a maior uniformidade quanto à arquitetura de plantas.

**PALAVRAS-CHAVE:** Melhoramento de plantas, variáveis canônicas, ramificação.

## **GENETIC DIVERSITY AS A PLANT ARCHITECTURE IN JATROPHA A VARIABLE FROM ESTIMATED IN DIGITAL IMAGE ANALYSIS**

### **ABSTRACT**

The *Jatropha curcas L.* adds high-quality oil and production potential for the production of biodiesel. Know the available variability is essential. This study aimed to estimate the diversity in the plant architecture between 10 *Jatropha* families with variable estimated by digital image analysis. Through the ImageJ software was estimated for plant height, stem diameter and canopy, number and sum of the length of the branches, number and average height of the forks, number of branches below and above the bifurcation point average opening angle of the canopy, level surface. The diversity found to plant architecture was average among families. Within these it was found that this had to be distinct, and families with low and high diversity. This suggests that some families have, in general, greater fixation of alleles for the variables that make up the architecture, leading to greater uniformity on the plant architecture.

**KEY-WORDS:** Plant breeding, canonical variables, branching.

## 1. INTRODUÇÃO

Em janeiro de 2015 o Brasil produziu cerca de 650.000 metros cúbicos de biodiesel, sendo que 74,72% da matéria-prima para produção teve origem na soja (ANP, 2015). Várias espécies vegetais, além da soja, podem ser exploradas para produção de biodiesel, principalmente, as que não competem na produção de alimentos, como por exemplo, o pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). Esta espécie é diplóide com  $2n=2x=22$  cromossomos (DIEGUES *et al.*, 2015), caducifólia, pertencente a família *Euphorbiaceae*, e segundo Fairless (2007), originária da América Central. O pinhão-manso apresenta teor de óleo nas sementes superiores aos da soja, palma e linhaça, e alta qualidade físico-química de óleo para uso como biocombustíveis (AKBAR *et al.*, 2009).

De acordo com Achten *et al.* (2010) o pinhão-manso se caracteriza por ser uma espécie não-domesticada, e no Brasil, materiais genéticos para plantios comerciais são praticamente inexistentes. Atualmente, o estudo dos germoplasmas de pinhão-manso objetivando conhecer e identificar a variabilidade genética entre plantas é prioridade no Brasil. Alguns trabalhos têm sido desenvolvidos por pesquisadores brasileiros. De acordo com Laviola *et al.* (2010) e Reis *et al.* (2015) existe considerável variabilidade genética no pinhão-manso quando aspectos morfológicos são considerados. Segundo Reis *et al.* (2015), caracteres relacionados a produção de óleo e projeção de copa foram os de maior variabilidade. Quanto aos aspectos genotípicos, vale ressaltar que a literatura, de forma geral, relata baixo polimorfismo nos germoplasmas da espécie (CHEN *et al.*, 2011; ROSADO *et al.*, 2010; SUN *et al.*, 2008), porém, relatos sobre a identificação de alto polimorfismo também são apresentados na literatura (TATIKONDA *et al.*, 2009; GUPTA *et al.*, 2008).

Por se tratar de um arbusto de porte alto e via de regra, muito ramificado, o pinhão-manso também deve ser estudado quanto aos aspectos relacionados a arquitetura de planta. O conhecimento da diversidade genética quanto a aspectos relacionados especificamente a arquitetura das plantas é ainda escasso na literatura (FEY *et al.*, 2014; REIS *et al.*, 2015). Conhecer o germoplasma, por exemplo, quanto ao porte, abertura do dossel e área ocupada pela planta no campo é de suma importância. Estas informações contribuirão para um melhor direcionamento em programas de melhoramento, possibilitando explorar com maior eficiência a heterose, pela recombinação alélica entre plantas, e selecionar plantas com arquitetura que promova o aumento da produção *per se* e/ou rendimento por hectare de área plantada.

No pinhão-manso, estudos sistemáticos sobre a arquitetura das plantas pode ser uma tarefa demorada e difícil quando ferramentas corretas não são aplicadas nas mensurações. Nesse sentido a análise de imagens digitais pode promover um detalhamento das diversas variáveis que compõem a arquitetura ou porte da planta. Essas análises possibilitam entre outras coisas a mensuração de ramos tortuosos, da área dos ramos e da planta, variáveis estas importantes e impossíveis ou difíceis de serem mensuradas diretamente em plantas desenvolvendo no campo. De acordo com Cobb *et al.* (2013) o desenvolvimento de fenotipagens mais precisas e de alta qualidade é hoje imprescindível para um melhor entendimento entre as relações genótipo-fenótipo, dada a alta quantidade de informações genóticas já disponíveis. Estes mesmos autores argumentam também sobre a necessidade de tornar as fenotipagens menos laboriosas.

O objetivo do trabalho foi estimar a diversidade genética quanto à arquitetura de caule entre 10 famílias de meios-irmãos em pinhão-manso, com variáveis estimadas a partir de análise digital de imagens.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Fitotecnia, pertencente ao Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ). As plantas analisadas, de 1,5 anos de idade, foram plantadas em espaçamento 2,5 x 3 metros em delineamento inteiramente casualizado contendo 15 repetições por tratamento.

A coleta de dados foi realizada através da análise digital de imagens utilizando-se o Programa *ImageJ*, versão 1.42q (RASBAND, 2002). Com uma câmera digital (NIKON, modelo COOLPIX P510) imagens de alta resolução foram obtidas entre os dias 27 a 30 de setembro de 2013. Todas as imagens capturadas contiveram uma escala graduada em centímetros que se localizava ao lado de todas as plantas analisadas a um ângulo de 90° com o solo. De posse das imagens digitais, no Programa *ImageJ* calculou-se o número de pixels por centímetros para cada imagem. Para análise, as imagens foram processadas e binarizadas.

As variáveis estimadas foram: altura das plantas em centímetros (ALT), diâmetro do caule na parte basal da planta (DBC), diâmetro de copa em centímetros (DCO), somatório do comprimento total dos ramos em centímetros (SCR), número de ramos contados aos 50 cm de altura (NR50), ângulo de abertura do dossel da planta (AAB), número de bifurcações totais na planta (NBI), média da altura das bifurcações (MAB), número de ramos acima da média da altura das bifurcações (NRAcmab), número de ramos abaixo da média da altura das bifurcações (NRAbmab) e área plana da planta (APL). No Programa *ImageJ* utilizou-se funções disponíveis no menu *analyze* para estimação das variáveis acima mencionadas.

Para análise da diversidade genética foram realizadas análises de agrupamentos, hierárquico e de otimização, de dispersão e índice de diversidade. Também se buscaram conhecer as variáveis mais e menos importantes na estimação da diversidade genética. Todas as análises foram realizadas no Programa R, versão 1.7.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011), exceção apenas para a análise de dispersão, na qual foi realizada no Programa GENES, versão 2.0.0 (CRUZ, 2007).

Na análise de agrupamento, a matriz fenética foi obtida via distância generalizada de mahalanobis, conforme estimador abaixo:

$$d_{ij}^2 = (y_i - y_j)' S^{-1} (y_i - y_j)$$

Sendo que:

$y_i$  é o vetor de observação do indivíduo  $i$ ,  $i = 1, 2, \dots, n$ ;

$d_{ij}$  é a distância do elemento  $i$  ao  $j$ ;

$S$  é a matriz de variâncias e covariâncias amostrais.

Em seguida, obteve-se as matrizes cofenéticas via agrupamentos UPGMA (*Unweighted pair-group method using an arithmetic average*) e Tocher, respectivamente, hierárquico e otimização.

No método UPGMA utiliza-se as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade. A distância entre um acesso  $k$  e um grupo, formado pelos acessos  $i$  e  $j$ , é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Já no método de Tocher, a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos, e é calculada da seguinte forma:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Na análise de agrupamento UPGMA estimou-se a correlação cofenética via Teste de Mantel com 1.000 permutações. O número ótimo de grupos foi estimado pela metodologia proposta por Kelley *et al.* (1996).

As estimativas referentes à análise da importância relativa das variáveis foram estimadas conforme critério de Singh (1981), que é baseado na partição dos componentes D2 referentes a cada variável em relação ao total da dissimilaridade observada. De acordo com Singh (1981), os caracteres que menos contribuem para a divergência entre os pares de genótipos são passíveis de descarte.

Para análise de dispersão utilizou-se a metodologia das variáveis canônicas, onde, por meio da condensação pivotal, obteve-se a matriz de variâncias e covariâncias residuais, possibilitando a estimação dos autovalores e autovetores associados a cada uma das variáveis canônicas. De acordo com Cruz *et al.* (2004) a importância relativa de cada variável canônica é dada pela razão entre a variância por ela explicada e o total da variância disponível. Estes autores preconizam que, se nas primeiras variáveis houver concentração de grande proporção

da variância total, em geral acima de 80%, é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre genótipos no gráfico de dispersão.

Estimaram-se as similaridades inter e intrafamiliar de meios-irmãos com base no algoritmo ANOSIM, proposto por Clarke & Green (1988), conforme demonstrado abaixo:

$$R = \frac{\bar{r}_B - \bar{r}_W}{n(n-1)/4}$$

Onde,  $\bar{r}_B$  corresponde a média das similaridades entre grupos;  $\bar{r}_W$  a média das similaridades dentro dos grupos; e  $n$ , o número total de observações.

As estimativas são plotadas em boxplots, no qual a sua largura é proporcional à raiz quadrada do número de observações nos grupos. Valores próximos a zero indicam a aceitação da hipótese nula ( $H_0$ ), e valores próximos a + 1 e -1 indicam, maior diferença entre e dentro dos grupos, respectivamente.



### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

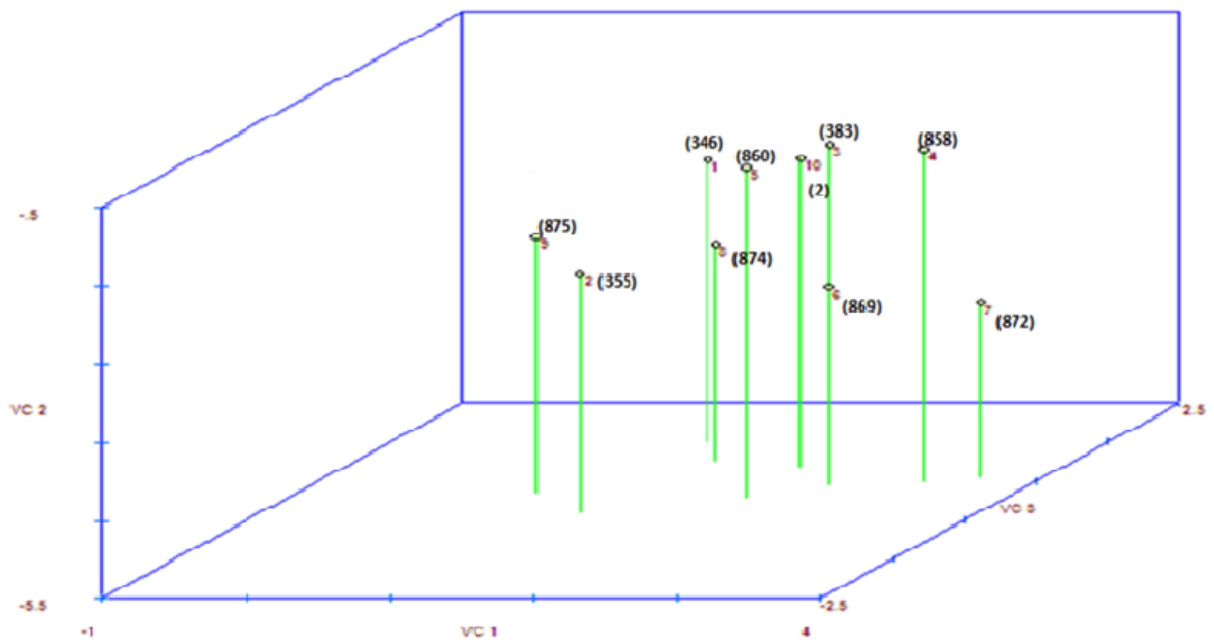
Em geral, a importância relativa de cada variável canônica é dada pela razão entre a variância por ela explicada e o total da variância disponível. Segundo Cruz *et al.* (2004), uma vez que há, nas primeiras variáveis, a concentração de grande proporção da variância total, em geral referenciada como acima de 80%, é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre progenitores em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas. Observa-se na Tabela 5 que a terceira variável canônica alcançou 78,97% de variância acumulada, estimativa muito próxima da preconizada por Cruz *et al.* (2004). Dessa forma, optou-se em plotar todos os tratamentos aqui trabalhados em um gráfico em 3 dimensões (Figura 2).

Com base nas estimativas proposta por Singh (1981), estimou-se também a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade fenotípica encontrada. A Tabela 6 e a Figura 3 mostram as variáveis que mais contribuíram para a diversidade. Observa-se que o número de bifurcações (NBI) foi a variável de maior peso na estimação da diversidade entre as famílias de pinhão-manso estudadas, sendo esta da ordem de 30,55%. Em seguida, a variável área total da planta (APL) influenciou também decisivamente na estimação da diversidade, sendo estimada em 22,29% de contribuição relativa. Tal fato indica a importância da mensuração desta variável, possível apenas via análise digital de imagens. A área da planta (APL), juntamente com o somatório do comprimento dos ramos (SCR), representam de forma indireta o número e o diâmetro dos caules. A variável somatório total do comprimento dos ramos (SCR) também teve forte influência na estimação da diversidade genética encontrada. Esta variável contribuiu com 10,65% da diversidade. Igualmente a APL, SCR também somente foi possível obtê-la via análise digital de imagens.

**Tabela 5.** Variáveis canônicas estimadas a partir de 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas obtidas em 10 famílias de pinhão-mansó provenientes de polinização aberta.

Variável Canônica	Autovalores $\lambda_j$	Variância (%)	Variância acumulada (%)
VC1	0,871	40,171	40,171
VC2	0,575	26,550	66,721
VC3	0,266	12,252	78,973
VC4	0,183	8,451	87,424
VC5	0,163	7,529	94,954
VC6	0,059	2,723	97,677
VC7	0,034	1,552	99,229
VC8	0,014	0,645	99,875
VC9	0,003	0,125	100,000
VC10	0,000	0,000	100,000
VC11	0,000	0,000	100,000

Dessa forma, percebe-se a grande importância da análise de imagens no estudo da arquitetura de plantas em pinhão-mansó, possibilitando maior e melhor discriminação entre os recursos genéticos da espécie. Dentre os descritores trabalhados por Reis *et al.* (2015), número de ramos totais e produção de óleo por planta foram os mais informativos na estimação da diversidade fenotípica em pinhão-mansó. No presente trabalho, vale destacar também a contribuição relativa das variáveis diâmetro medido na base do caule (DBC), altura de plantas (ALT) e ângulo de abertura do dossel da planta (AAB), respectivamente com 7,96, 7,46 e 6,89%, apesar de terem exibido uma contribuição relativa abaixo de 10%. Ginwal *et al.*, (2004), relataram a ocorrência de variabilidade genética e altos valores de herdabilidade no sentido amplo para diâmetro do caule em pinhão-mansó.



**Figura 2.** Dispersão entre 10 famílias de meios-irmãos com base em características relacionadas à arquitetura de planta estimada por variáveis canônicas.

As variáveis NRAcmab (número de ramos acima de MAB), NRAbmab (número de ramos abaixo de MAB), DCO (diâmetro de copa), MAB (média da altura das bifurcações) e NR50 (número de ramos contados aos 50 cm de altura) pouco contribuíram para a estimação da diversidade. Deve-se destacar que as variáveis NRAcmab, NRAbmab e NR50 correspondem a contagem de ramos.

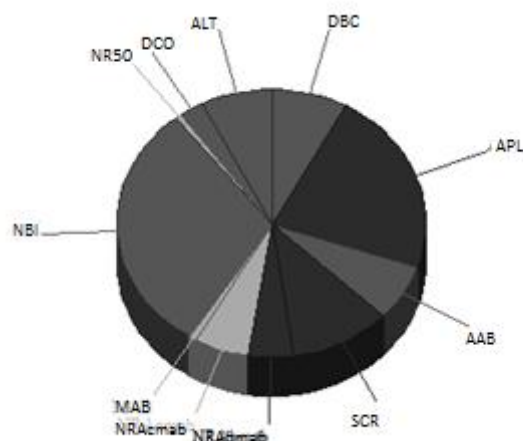
Rao *et al.* (2008) relataram que o número de ramos está entre os principais componentes de produtividade na espécie; e segundo Reis *et al.* (2015), em pinhão-manso, o número de ramos correlacionou positivamente com a área de projeção da copa. Naturalmente, sabe-se que estas variáveis exibem um alto grau de polimorfismo, porém, quando as avaliações são realizadas utilizando as ferramentas computacionais para se realizar análise de imagens, estas variáveis ao que parece passam a ser secundárias na estimação, sucumbindo diante de estimativas muito detalhadas, como a área da planta (APL), a soma do comprimento total de ramos na planta (SCR) e o número de bifurcações (NBI). Esta última variável pode ser perfeitamente mensurada sem a necessidade de ferramentas computacionais, porém, a contagem do número de bifurcações diretamente no campo pode ser uma tarefa tediosa. No presente trabalho foram contadas ao todo 962 bifurcações distribuídas em 150 plantas. Vale informar, com base nos resultados aqui obtidos, que a contagem do número de ramos nunca pode ser implementada em detrimento ao número de bifurcações, pelos seguintes motivos:

regra geral, a floração se dá nas extremidades dos ramos novos; e nem sempre os pequenos ramos novos são computados na contagem dos ramos totais. No presente trabalho, o número de ramos acima de mab (NRAcwab) obteve correlação altamente positiva com NBI, estimada em 89% (dados mostrados no capítulo anterior). O pinhão-mansão apresenta inflorescências em gemas terminais de ramos do ano (SANTOS *et al.*, 2010), o que indica possibilidades no aumento de produção como consequência de uma maior quantidade ramos. Para Rao *et al.* (2008) existe forte correlação positiva entre produção e números de ramos.

**Tabela 6.** Contribuição relativa, baseada na proposta de Singh (1981), de 11 variáveis na diversidade genética entre 10 famílias de pinhão-mansão provenientes de polinização aberta.

Variáveis	S.j	Valor (%)
NBI	63,50	30,55
APL	46,33	22,29
SCR	22,14	10,65
DBC	16,54	7,96
ALT	15,50	7,46
AAB	14,31	6,89
NRAcwab	11,70	5,63
NRAbwab	9,70	4,67
DCO	5,18	2,49
MAB	1,72	0,83
NR50	1,24	0,60

**Legenda:** S.j – Valor estimado a partir da estatística de Singh (Singh, 1981); ALT – Altura da Planta (cm); DCO – Diâmetro de Copa (cm); NR50 – Número de Ramos à 50 cm de altura; NBI – Número de Bifurcações; MAB – Média da altura das bifurcações (cm); NRAcwab – Número de Ramos acima da altura média das bifurcações; NRAbwab – Número de Ramos abaixo da altura média das bifurcações; SCR – Somatório do Comprimento dos Ramos (m); AAB – Ângulo de abertura do dossel da planta (graus); APL – Área ocupada pela planta na imagem (cm<sup>2</sup>); DBC – Diâmetro da base do caule ( cm).



**Figura 3.** Contribuição relativa, baseada na proposta de Singh (1981), de 11 variáveis na diversidade genética entre 10 famílias de pinhão-mansó provenientes de polinização aberta.

De acordo com Freitas (2010) as características altura de plantas e diâmetro do caule foram as mais importantes na estimação da diversidade em plantas jovens de pinhão-mansó. Já Reis *et al.* (2015) mencionaram que o número de ramos totais e a produção de óleo por planta em pinhão-mansó foram as variáveis que mais contribuíram para a variação genética estimada.

Quanto às análises de dispersão, pode-se observar na Figura 2 referente à análise das variáveis canônicas, que ficou evidenciado que as famílias 355 e 875 foram próximas, já a família 872 foi alocada como a mais distante de todas, logicamente, com base na arquitetura da planta. As famílias 002 e 383, e 346 e 860 foram as mais próximas entre si.

Considerando o agrupamento por otimização realizado via análise de Tocher (Tabela 7), percebe-se que as famílias 355 e 875 foram agrupadas no mesmo grupo, portanto, fenotipicamente próximas como na dispersão (Figura 2). As famílias 002, 383 e 860, assim como na dispersão, foram também próximas. A família 872 foi alocada com a 869, e não tão distante das demais como nas variáveis canônicas.

Em relação ao agrupamento por hierarquização, via UPGMA, houve a formação de 3 grupos, conforme metodologia empregada (*Kelley-Gardner-Sutcliffe penalty function*) proposta por Kelley *et al.* (1996) (Figuras 4 e 5). Na Figura 5 observa-se a seguinte distribuição: famílias 872 e 874 no grupo I, famílias 869, 346, 858 e 860 no grupo II, e famílias 383, 002, 355 e 875 no grupo III. A correlação entre a matriz fenética e cofenética foi estimada em 0,88, sendo significativa ao nível de 1% pelo Teste de Mantel. De acordo com Sokal & Rohlf (1962), dos métodos hierárquicos aglomerativos, o UPGMA é o que apresenta

os dendrogramas com coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ) máximo. Para Vaz Patto *et al.* (2004), um coeficiente de correlação cofenético maior que 0,56 é considerado ideal, refletindo uma boa concordância entre a matriz de fenética e cofenética.

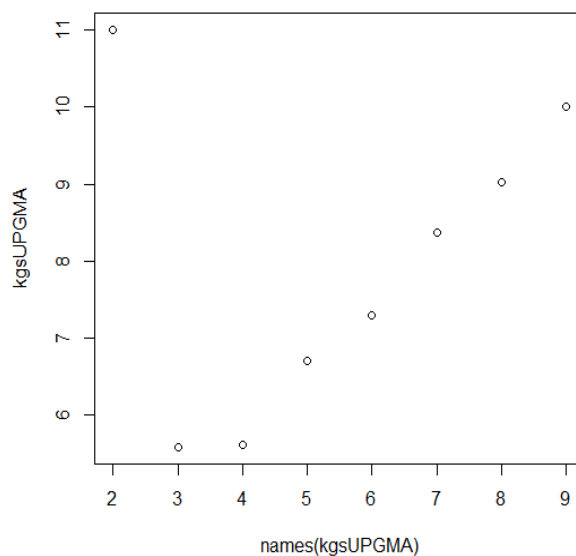
**Tabela 7:** Grupos estabelecidos a partir da distância generalizada de Mahalanobis pelo método de agrupamento de Tocher, com base em 11 características relacionadas à arquitetura de plantas, estimadas em 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta.

<b>Grupos</b>	<b>Famílias de Meios-Irmãos</b>
I	383, 858, 002, 860
II	355, 875, 874, 346
III	869, 872

No referido dendrograma (Figura 5) ressalta-se o posicionamento das famílias 355 e 875 no mesmo grupo, e a família 872 alocada em um dos dois grupos principais, que além dela, contém também a família 874. As famílias 002 e 383 foram agrupadas separadamente de outras duas famílias (355 e 875), porém, todas as quatro em apenas um grupo. As famílias 346 e 860, apesar de se localizarem no mesmo grupo, a bifurcação mais baixa foi entre a 860 e 858, ou seja, no agrupamento via UPGMA, estas famílias foram as mais próximas, bem como as famílias 002 e 383.

Quando se compara todas as metodologias utilizadas nas análises de dispersão e agrupamentos, percebe-se que as famílias 355 e 875, e 002 e 383, são realmente as mais próximas, e existe uma tendência da família 872 ser a mais distante de todas. As demais famílias dispersaram-se ou agruparam-se entre si sem um padrão definido. Apesar desta dispersão, pode-se verificar na Figura 5, que a maior distância genética encontrada, entre o grupo I com os grupos II e III, foi baixa, da ordem de 0,4. Reis *et al.* (2015) trabalhando com os genitores femininos das famílias aqui estudadas encontraram resultados semelhantes para alguns casos, e contraditórios para outros. Para estes autores, o genitor feminino da família 875 analisada no presente artigo, foi o mais divergente de todos os genitores. Porém, no presente artigo a sua progênie (875) agrupou-se com a família 355, não sendo, portanto a progênie mais distante como foi seu genitor feminino em Reis *et al.* (2015). Considerando o agrupamento hierárquico realizado pelos referidos autores, apenas os genitores das famílias 002 e 383 foram agrupados no mesmo grupo, assim como ocorreu com as progênies destes genitores no presente trabalho. No geral, a inconsistência no padrão de agrupamento entre o presente estudo e o trabalho desenvolvido por Reis *et al.* (2015) é perfeitamente

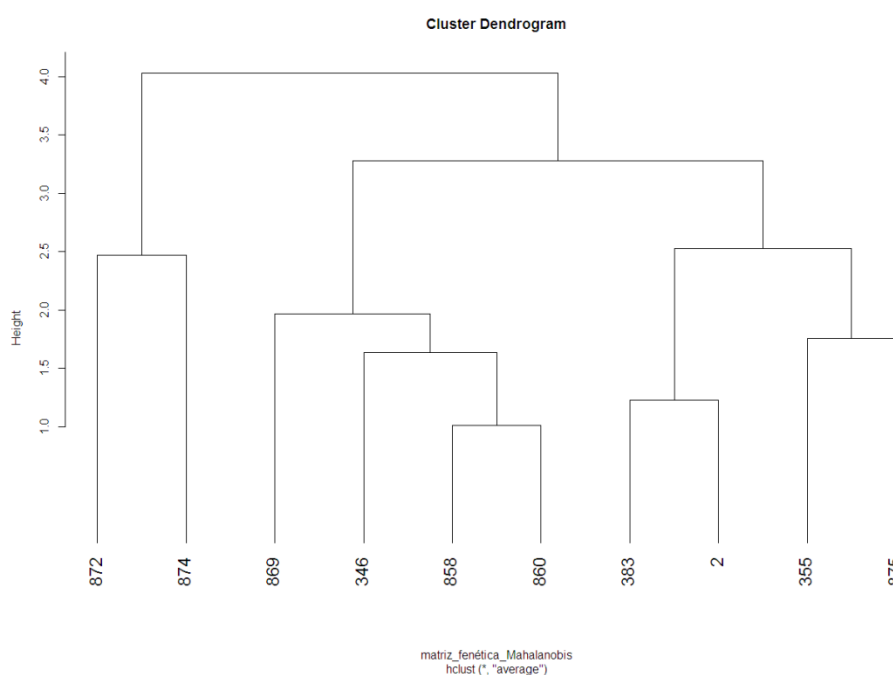
compreensível, visto que as variáveis trabalhadas pelos autores citados não foi concentrada apenas em variáveis relacionadas a arquitetura de plantas. A inconsistência também deve-se ao fato da espécie ser alógama, tendo-se no presente trabalho apenas o controle gamético feminino. Não se pode deixar também de mencionar que, segundo Falconer (1987), a variabilidade genética em uma população é função da divergência genética entre os genitores envolvidos nos cruzamentos.



**Figura 4.** Gráfico indicando o número de grupos ótimos formados em um dendrograma UPGMA, com base em 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas estimadas em 10 famílias de pinhão-mansó provenientes de polinização aberta com base na metodologia de Kelley *et al.* (1996). O menor valor de kgsUPGMA corresponde ao número de grupos formados no eixo x.

Basha *et al.* (2007) encontraram baixa variabilidade genotípica e fenotípica em genótipos de pinhão-mansó provenientes da África e da Ásia. Rao *et al.* (2008), analisaram 32 acessos de pinhão-mansó de 11 diferentes regiões da Índia, e relataram que a diversidade genética não está necessariamente ligada a diversidade geográfica, visto que árvores de diferentes regiões foram colocadas em um mesmo grupo genético. Semelhantemente, Reis *et al.* (2015) concluíram que a coleção de germoplasma avaliada não se encontrou estruturada por procedência, visto que acessos oriundos de locais diferentes foram reunidos no mesmo grupo. Abreu *et al.* (2009) encontraram variabilidade genética para vários caracteres vegetativos como altura de plantas, diâmetro do caule e número de folhas em acessos de

pinhão-mansos provenientes de vários lugares do Brasil. Laviola *et al.* (2010) encontraram variabilidade genética para produção de grãos, número total de ramos avaliados por planta e diâmetro de caule. Ginwal *et al.* (2004), avaliando o desempenho de plantas de *Jatropha curcas* L. de dez diferentes procedências na Índia, encontraram variação significativa em características como conteúdo de óleo das sementes, altura da planta, número de ramificações e peso das sementes. Achten *et al.* (2010), concluíram que se faz necessário um maior conhecimento sobre a diversidade genética de *Jatropha curcas* para que seja possível o desenvolvimento de cultivares melhoradas, já que a espécie é considerada não-domesticada.



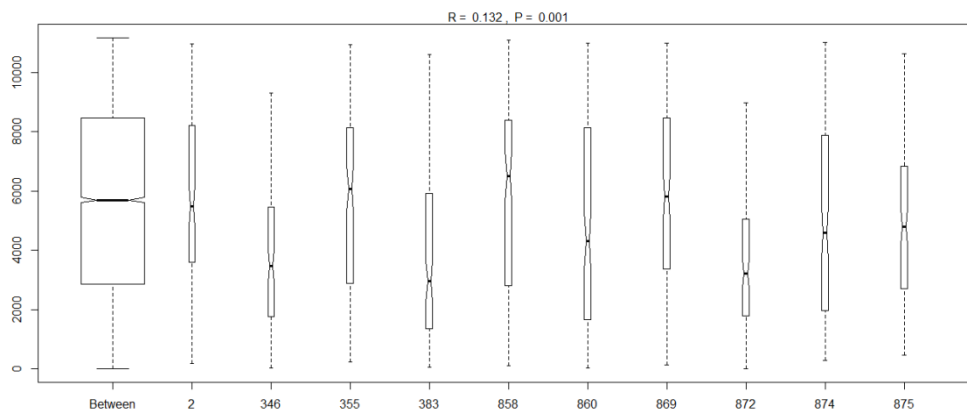
**Figura 5:** Hierarquização com base na distância generalizada de Mahalanobis, agrupada pelo método UPGMA entre 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta, estimada com base em 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas.

Na Figura 6 é possível observar *boxplots* indicando as estimativas da diversidade para arquitetura de plantas, inter e intra famílias de pinhão-manso. No presente trabalho, os resultados indicaram que há diferenças significativas entre as famílias de meios-irmãos quanto à arquitetura de plantas ( $R=0,132$  e  $P=0,001$ ). Damasceno Junior *et al.* (2015), estimaram a diversidade intra e inter espécies da família Caricaceae via algoritmo ANOSIM, e segundo estes autores, a diversidade média estimada foi próxima de 0,7. Neste trabalho o menor índice de diversidade foi estimado próximo de 0,15, dentro da espécie *Carica papaya*, cujo modo de reprodução preferencial é autógamo (DAMASCENO JUNIOR *et al.*, 2008). No presente



trabalho a média de diversidade estimada foi muito próxima de 0,6, sendo que a menor diversidade intra família foi de pouco mais de 0,3, e a maior, pouco superior a 0,6. Com base nestes resultados pode-se inferir que detectou-se média a baixa diversidade entre as famílias, e em alguns casos, dentro de família, diversidade muito reduzida, como por exemplo, para as famílias 383, 872 e 346, respectivamente. Na Figura 5, a baixa diversidade também pode ser notada nas estimativas de distância genética entre as famílias. Nesta, observa-se que a diversidade não passou de 0,4, enquanto que a menor diversidade, entre as famílias 858 e 860, foi levemente superior a 0,1.

A partir dos “boxplots” na Figura 6 nota-se que as famílias 002, 346, 383, 860, 872, 874 e 875 apresentaram estimativas de diversidade inferiores a média geral. Destas, apenas as famílias 346, 383 e 872 se destacaram quanto a reduzida diversidade para arquitetura de planta em relação as demais famílias e a média geral. Distâncias reduzidas intra família são preferidas no presente trabalho, visto que tal fato denota ou aponta para maior uniformidade quanto a arquitetura das plantas na família, ou seja, nestas já pode-se supor que a fixação de alelos para as diversas características que compõe a arquitetura de planta já possa estar mais adiantada do que nas demais famílias.



**Figura 6.** Índices de diversidade obtidos via algoritmo ANOSIM (CLARKE & GREEN, 1988) entre e dentro de 10 famílias de pinhão-manso provenientes de polinização aberta estimada a partir de 11 variáveis relacionadas à arquitetura de plantas.

Além da maior uniformidade para arquitetura de caule, a família 872 destacou-se também por ser detentora do maior número de bifurcações (NBI) entre as famílias estudadas ( $\bar{\chi} = 10,3$ ) (Capítulo 1, Tabela 3), portanto, aparentemente com grande potencial produtivo. Aliado a uniformidade da arquitetura de caule e um alto NBI, a família 872 mostrou-se ser a

mais distante geneticamente das demais famílias, o que aumenta a possibilidade de haver razoável complementação alélica quando envolvida em cruzamentos com as demais famílias visando explorar a heterose. Na Tabela 3 (Capítulo 1), observa-se que além do maior NBI, a família 872 apresentou também o menor desvio-padrão para a mesma característica, o que a consolida como um material genético populacional muito promissor, corroborando com os resultados obtidos com o algoritmo ANOSIM. Como fato negativo na família 872 pode-se citar o diâmetro de copa (DCO), estimado em 1,16 metros (Capítulo 1, Tabela 3), o maior entre as famílias. A magnitude desta variável pode definir o número de plantas a serem plantadas em um hectare, interferindo diretamente na produtividade da espécie. Porém, segundo Rao *et al.* (2008) e Spinelli *et al.* (2010), em pinhão-manso, diâmetros maiores da copa pode significar aumento de produção. Reis *et al.* (2015) também encontraram efeito positivo entre projeção da copa e produção de óleo por planta.

Como já mencionado anteriormente, a família 346 também se destacou quanto a baixa diversidade para a arquitetura de caule (Figura 6), porém, ao contrário da 872, o destaque pode ter sido negativo, pois apesar da fixação de alelos para arquitetura de caule, o número de bifurcações (NBI) ( $\bar{\chi} = 4,7$ ) (Capítulo 1, Tabela 3) foi um dos menores entre as famílias estudadas. As famílias 355, 874 e 875 também apresentaram NBI reduzidos, respectivamente de 5,2, 5,1 e 3,0. A família 383 citada anteriormente como tendo maior uniformidade para a arquitetura de caule apresentou médio a reduzido número de bifurcações (NBI) ( $\bar{\chi} = 7,2$ ).

A elevada diversidade ou variabilidade estimada dentro das famílias 858, 355 e 869 pode significar possibilidades de seleção dentro da família, com posterior clonagem. Essa estratégia também é bastante válida na cultura do pinhão-manso, visto que a propagação vegetativa é facilmente empregada. Cornacchia *et al.* (1995) relataram que os melhoristas devem ter atenção quanto a seleção de indivíduos dentro de famílias superiores, já que em muitas estruturas de famílias, considerável proporção da variância genética aditiva permanece disponível entre plantas dentro de progênies. Estes autores ainda dizem que os ganhos adicionais são obtidos mediante a seleção das melhores plantas das parcelas representadas por famílias comprovadamente superiores.

#### 4. CONCLUSÃO

A análise de imagens foi empregada com sucesso na estimação das variáveis aqui estudadas. Dentre estas, o número de bifurcações (NBI), a área planta da planta (APL) e o somatório do comprimento dos ramos (SCR) foram as características mais importantes na estimação da diversidade no presente trabalho.

A diversidade para arquitetura de plantas observada entre famílias foi mediana, sendo que há uma tendência da família 872 ser mais distante das demais. Porém, dentro de família, foi possível observar estimativas alta, média e baixa para a diversidade. As famílias 858, 355 e 869 apresentaram alta diversidade, enquanto as famílias 346, 383 e 872 apresentaram baixa diversidade. Portanto, conclui-se que nestas últimas famílias possivelmente exista maior fixação de alelos nas variáveis que compõe a arquitetura da planta.

A família 872 apresentou aspectos favoráveis relacionados à arquitetura de plantas, bem como, de forma geral, a maior distância genética entre as demais famílias.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B.; RESENDE, M. D. V. de; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. de. **Variabilidade genética entre acessos de pinhão-manso na fase juvenil**. *Magistra*, Cruz das Almas-BA, v. 21, n. 1, p. 036-040, 2009.

ACHTEN, W. M. J.; NIELSEN, L. R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A. G.; KJÆR, E. D.; TRABUCCO, A.; HANSEN, J. K.; MAES, W. H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F. K.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v. 1, n. 1, 91–107. 2010. ISSN 1759-7269

AKBAR, E.; YAAKOB, Z; KAMARUDIN, S. K.; ISMAIL, M.; SALIMON, J. Characteristic and Composition of *Jatropha Curcas* Oil Seed from Malaysia and its Potential as Biodiesel Feedstock. **European Journal of Scientific Research**. Vol. 29, n.3, pp.396-403, 2009. ISSN 1450-216X

ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis). Superintendência de Refino, Processamento de Gás Natural e Produção de Biocombustíveis. **Produção Nacional de Biodiesel Puro (B100)**, 2015. Disponível em: [www.anp.gov.br/?dw=8739](http://www.anp.gov.br/?dw=8739). Acesso em 19 de abril de 2015.

BASHA, S. D.; SUJATHA, M. Inter and intra population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. **Euphytica** 156:375–386. 2007.

CHEN, K.; REN, P.; YING, C.; JIANG, Q.; JIA, X.; Genetic relationships among *Jatropha curcas* L. clones from Panzhuhua, China as revealed by RAPD and ISSR. **African Journal of Agricultural Research**, 6(11), 2582-2585, 2011.

CLARKE, K. R.; GREEN, R. H. Statistical design and analysis for a " biological effects" study. **Mar. Ecol. Prog. Ser.**, v. 46, n. 1, p. 213-226, 1988.

COOB, J. N.; DECLERCK, G.; GREENBERG, A.; CLARK, R.; MCCOUCH, S. Next-generation phenotyping: requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theor Appl Genet**, (2013) 126:867-887. doi: 10.1007/s00122-013-2066-0

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, W. Seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, v. 19, n. 2, p. 200-212, 1995.

CRUZ, C. D. (2007). Programa Genes, versão 2007. Universidade Federal de Viçosa, MG.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2004. p.223-375.

DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; PEREIRA, T. N. S.; SILVA, F. F. da; REIS, M. V. M. dos; PEREIRA, M. G. Diversidade genética em duas espécies de Caricáceas e suas relações genéticas com *Carica papaya* L. **Revista Ciência Agronômica** (no prelo). 2015.

DAMASCENO JÚNIOR, P. C., PEREIRA, T. N. S., SILVA, F. F., VIANA, A.V., PEREIRA, M. G. Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. **Ceres**, 55(4): 310-316, 2008.

DIEGUES, I. P.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; RIBEIRO, N. V. da S.; REIS, M. V. M.; ABOUD, A. C. de S. Comportamento meiótico e viabilidade polínica na espécie *Jatropha curcas* L. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 1, p. 141-150, 2015

FAIRLESS, D. Biofuel: the little shrub that could – maybe. **Nature**, 449, 652–655. 2007.

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

FEY, R.; MALAVASI, U. C.; MALAVASI, M. M.; SCHULZ, D. G.; DRANSKI, J. A. L. Relações interdimensionais e produtividade de pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) em

sistema silvipastoril. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 2, p. 613-624, 2014. DOI: 10.5433/1679-0359.2014v35n2p613.

FREITAS, R. G. de,. Caracterização de Germoplasma de Pinhão Manso (*Jatropha curcas* L.) por Descritores Morfo-Agronômicos. Universidade Federal de Viçosa, 2010.

GINWAL, H. S.; RAWAT, P. S.; SRIVASTAVA, R. L. Seed source variation in growth performance and oil yield of *Jatropha curcas* Linn, in Central India. **Silvae Genetica**, v. 53, p. 186-192, 2004.

KELLEY, L. A., GARDNER, S. P., SUTCLIFFE, M. J. An automated approach for clustering an ensemble of NMR-derived protein structures into conformationally related subfamilies. **Protein Eng.** 11,1063-1065, 1996.

LAVIOLA, B. G.; ROSADO, T. B.; BHERING, L. L.; KOBAYASHI, A. K. ; RESENDE, M. D. V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, 2010.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2011. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em: URL <http://www.r-project.org/>.

RAO, G. R.; KORWAR, G. R.; SHANKER, A. K.; RAMAKRISHNA, Y. S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees: Structure and Function**, Berlin, v. 22, p. 697-709, 2008. ISSN 1432-2285.

RASBAND, W. ImageJ [software on the Internet] Version 1.42 q [cited 2002 July 5].

REIS, M. V. M.; DAMASCENO JUNIOR, P. C.; CAMPOS, T. de O.; DIEGUES, I. P.; FREITAS, S. C. de. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-manso (*Jatropha curcas*, L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 412-420, abr-jun, 2015. ISSN 1806-6690.

ROSADO, T. B., LAVIOLA, B. G., FARIA, D. A. Molecular markers reveal limited genetic diversity in a large germplasm collection of the biofuel crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. *Crop Science* 50:2372–2382. 2010.

SANTOS, C. M.; ENDRES, L.; WANDERLEY FILHO, H. C. L.; ROLIM, E. V.; FERREIRA, V. M. Fenologia e crescimento do pinhão manso cultivado na zona da mata do Estado de Alagoas, Brasil. *Journal of Agricultural Science*, Cambridge, v.11, n.3, p.201-209, 2010.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding*, New Delhi, v.41. p.237-245, 1981.

SOKAL, R. R. & ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v.11, p. 33-40, 1962.

SPINELLI, V. M.; ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; MARCOLAN, A. L.; VIEIRA, J. R.; FERNANDES, C. de F.; MILITAO, J. S. T.; DIAS, L. A. dos S. Componentes primários e secundários do rendimento de óleo de pinhão-manso. *Ciência Rural*, v.40, p.1752-1758, 2010.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. *Euphytica* 137, p. 63-67, 2004.

SUN, Q.; LIB, L.; LIB, Y.; WUA, G.; GEA, X. SSR and AFLP markers reveal low genetic diversity in the biofuel plant *Jatropha curcas* in China. *Crop Science*, v. 48, p. 1865-1871. 2008.

GUPTA, S.; SRIVASTAVA, M.; MISHRA, G. P.; NAIK, P. K.; CHAUHAN, R. S.; TIWARI, S. K.; KUMAR, M.; SINGH, R. Analogy of ISSR and RAPD markers for comparative analysis of genetic diversity among different *Jatropha curcas* genotypes. *African Journal of Biotechnology*, v. 7, p. 4230-4243. 2008.

TATIKONDA, L.; WANI, S. P.; KANNAN, S.; THAKUR, B. N.; SREEDEVI, K.; HOISINGTON, D. A.; PRATHIBHA D.; VARSHNEY, R. K. AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L., a biofuel plant. **Plant Science**, v. 176, p. 505-513. 2009.



### 3. CONCLUSÕES GERAIS

Com base nos parâmetros genéticos estimados, as variáveis altura de plantas (ALT), diâmetro de copa (DCO), número de bifurcações (NBI), número de ramos acima da média da altura das bifurcações (NRAcma), número de ramos abaixo da média da altura das bifurcações (NRAbma), somatório do comprimento dos ramos (SCR) e área plana da planta (APL) apresentaram altos valores de coeficiente de determinação genotípico e, médios a altos índices de variação, determinando dessa forma uma maior influência genética do que ambiental, justificando a seleção nestas características.

As características número de bifurcações (NBI), área plana da planta (APL) e o somatório do comprimento dos ramos (SCR) foram as mais importantes na estimação da diversidade. Tal informação poderá auxiliar futuros trabalhos de melhoramento na cultura, possibilitando o direcionamento dos esforços para estas características no processo de seleção.

Na análise dentro das famílias, ressalta-se que as plantas da família 872 apresentaram maior uniformidade para as características de arquitetura de caules, assim como maior número de bifurcações e maior distância genética em relação às demais famílias. Dessa forma, após comprovação do potencial produtivo, genótipos da família 872 poderão ser envolvidos em cruzamentos quando se pretende explorar a heterose na cultura.

As famílias 346 e 383 também apresentaram baixa diversidade, enquanto as famílias 858, 355 e 869 apresentaram mediana diversidade.

Conclui-se que a família 872 obteve os maiores valores para a maioria das características de ramificação analisadas, enquanto as famílias 355 e 875 apresentaram os menores valores. Apenas a variável número de ramos a 50 cm (NR50) não foi estatisticamente diferente entre as famílias avaliadas.

#### 4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B.; RESENDE, M. D. V. de; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. de. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansão na fase juvenil. **Magistra**, Cruz das Almas-BA, v. 21, n. 1, p. 036-040, 2009.

ACHTEN, W. M. J.; NIELSEN, L. R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A. G.; KJÆR, E. D.; TRABUCCO, A.; HANSEN, J. K.; MAES, W. H.; GRAUDAL, L.; AKINNIFESI, F. K.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Biofuels**, v. 1, n. 1, 91–107. 2010. ISSN 1759-7269

AGÊNCIA NACIONAL DO PETRÓLEO - ANP (2015) - Boletim Mensal do Biodiesel (março de 2015). Disponível em: <<http://www.anp.gov.br/?pg=74914&m=boletim&t1=&t2=boletim&t3=&t4=&ar=0&ps=1&1428855049088>> Acesso em 09/04/2015.

AHMED, W. A.; SALIMON, J. Phorbol ester as toxic constituents of tropical *Jatropha curcas* seed oil. **European Journal of Scientific Research**, 31 (2009), pp. 429–436.

AIT-ALI, T.; RANDS, C.; HARBERD, N. P. Flexible control of plant architecture and yield via switchable expression of *Arabidopsis gai*. **Plant Biotechnol. J.** 1:337–43, 2003.

AKBAR, E.; YAAKOB, Z; KAMARUDIN, S. K.; ISMAIL, M.; SALIMON, J. Characteristic and Composition of *Jatropha Curcas* Oil Seed from Malaysia and its Potential as Biodiesel Feedstock. **European Journal of Scientific Research**. Vol. 29, n.3, pp.396-403, 2009. ISSN 1450-216X

ALBUQUERQUE, CASTRO, N. H. A.; BELTRÃO, N. E. M.; LUCENA, A. M. A.; ANDRADE, G. A.; CARAMORI, P. H.; SOUZA, F. S.; MARUR, C. J.; RIBEIRO, A. M. A. Temperatura mínima letal para plantas jovens de pinhão-mansão. **Bragantia**, Campinas, v.67, n. 3, p. 799-803, 2008.

ALVES, J. M. A.; SOUSA, A. de A.; SILVA, S. R. G. da; LOPES, G. N.; SMIDERLE, O. J.; UCHÔA, S. C. P. Pinhão-mansão: uma alternativa para produção de biodiesel na agricultura

familiar da Amazônia brasileira. **Agro@ambiente**, Boa Vista, v. 2, n. 1, p. 57-68, 2008. ISSN 1982-8470.

ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis) 2015. Superintendência de Refino, Processamento de Gás Natural e Produção de Biocombustíveis. **Produção Nacional de Biodiesel Puro (B100)**, 2015. Disponível em: [www.anp.gov.br/?dw=8739](http://www.anp.gov.br/?dw=8739). Acesso em 19 de abril de 2015.

ANP (Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis). Superintendência de Refino, Processamento de Gás Natural e Produção de Biocombustíveis. **Boletim Mensal do Biodiesel**, fevereiro de 2015. 2015. 13 p. [www.anp.gov.br](http://www.anp.gov.br). Acesso em 30 de março de 2015.

ARAUJO-JUNIOR, C. F.; ANDROCIOLI FILHO, A.; RAKOCEVIC, M.; BARROS, C. V.; YADA JUNIOR, G. M.; ROSA, F. T. Atributos arquiteturais de cafeeiros com geometrias contrastantes cultivados em diferentes espaçamentos. **VIII Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil**, 2013.

ARRUDA, F. P.; BELTRÃO, N. E. M.; ANDRADE, A. P.; PEREIRA, W. E.; SEVERINO, L. S. Cultivo de pinhão-manso (*Jatropha curcas*) como alternativa para o semi-árido nordestino. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 8, n. 1, p. 789-799, 2004. ISSN 1980-4830.

BALANÇO ENERGÉTICO NACIONAL 2014 (BEN,2014). Disponível em: [https://ben.epe.gov.br/downloads/Relatorio\\_Final\\_BEN\\_2014.pdf](https://ben.epe.gov.br/downloads/Relatorio_Final_BEN_2014.pdf) Acesso em 12/04/2015.

BÁRTOLI, J. A. A. Physic-nut (*Jatropha curcas*) cultivation, Honduras handbook. **Agricultural Communication Center of the Honduran Foundation for Agricultural Research (FHIA)**. La Lima, Cortés, Honduras, May 2008. 40 p.

BASHA, S. D.; SUJATHA, M. Inter and intra population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. **Euphytica** 156:375–386. 2007.

BERECHTEIN, B. Avaliação do farelo de pinhão-mansô (*Jatropha curcas* L.) detoxicado na dieta de suínos. Universidade de São Paulo – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, 2012.

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIRJ, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

CHELLE, M. Phylloclimate or the climate perceived by individual plant organs: What is it? How to model it? What for? **New Phytologist**, Oxford, v. 166, n. 3, p. 781-790, Jun. 2005.

CHEN, K.; REN, P.; YING, C.; JIANG, Q.; JIA, X.; Genetic relationships among *Jatropha curcas* L. clones from Panzhihua, China as revealed by RAPD and ISSR. **African Journal of Agricultural Research**, 6(11), 2582-2585, 2011.

CLARKE, K. R.; GREEN, R. H. Statistical design and analysis for a " biological effects" study. **Mar. Ecol. Prog. Ser.**, v. 46, n. 1, p. 213-226, 1988.

CLOUSE, S. D.; SASSE, J. M. Brassinosteroids: essential regulators of plant growth and development. **Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.** 49:427–51. 1998.

COOB, J. N.; DECLERCK, G.; GREENBERG, A.; CLARK, R.; MCCOUCH, S. Next-generation phenotyping: requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theor Appl Genet**, (2013) 126:867-887. doi: 10.1007/s00122-013-2066-0.

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, W. Seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, v. 19, n. 2, p. 200-212, 1995.

CRUZ, C. D. (2007). Programa Genes, versão 2007. Universidade Federal de Viçosa, MG.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 2. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585 p.

DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; PEREIRA, T. N. S.; SILVA, F. F. da; REIS, M. V. M. dos; PEREIRA, M. G. Diversidade genética em duas espécies de Caricáceas e suas relações genéticas com *Carica papaya* L. **Revista Ciência Agronômica** (no prelo). 2015.

DAMASCENO JUNIOR, P. C. & REIS, M. V. M. (2012). **O potencial das espécies bioenergéticas para o estado do Rio de Janeiro com ênfase no pinhão-manso**. I Encontro de Genética e Melhoramento de Plantas do Estado do Rio de Janeiro.

DAMASCENO JÚNIOR, P. C., PEREIRA, T. N. S., SILVA, F. F., VIANA, A.V., PEREIRA, M. G. Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. **Ceres**, 55(4): 310-316, 2008.

DAWO, M. I.; SANDERS, F. E.; PILBEAM, D. J. Yield, yield components and plant architecture in the F3 generation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from a cross between the determinate cultivar 'Prelude' and an indeterminate landrace. **Euphytica**, v.156, p.77-87, 2007.

DEHGAN, B.; WEBSTER, G. L. Morphology and infrageneric relationships of the genus *Jatropha* (Euphorbiaceae). **University of California Publications in Botany**, University of California Press, 1979. 73 p.

DIAS, L. A. S.; LEME, L. P.; LAVIOLA, B. G.; PALLINI FILHO, A.; PEREIRA, O. L.; CARVALHO, M.; MANFIO, C. E.; SANTOS, A. S.; SOUSA, L. C. A.; OLIVEIRA, T. S.; DIAS, D.C.F.S. Cultivo de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) para produção de óleo combustível. **Viçosa, MG**, 2007. v.1. 40p.

DIEGUES, I. P.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; RIBEIRO, N. V. da S.; REIS, M. V. M.; ABOUD, A. C. de S. Comportamento meiótico e viabilidade polínica na espécie *Jatropha curcas* L. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 1, p. 141-150, 2015

DRUMOND, M. A. *et al.* Produção de pinhão-manso no Semi-árido brasileiro. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE AGROENERGIA E BIOCOMBUSTÍVEIS, 2007, Teresina. **Anais...** Teresina: Embrapa Meio Norte, 2007.

FAIRLESS, D. Biofuel: the little shrub that could – maybe. *Nature*, 449, 652–655. 2007.

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

FEY, R.; MALAVASI, U. C.; MALAVASI, M. M.; SCHULZ, D. G.; DRANSKI, J. A. L. Relações interdimensionais e produtividade de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) em sistema silvipastoril. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 2, p. 613-624, 2014. DOI: 10.5433/1679-0359.2014v35n2p613.

FREIRE, F. das C. O.; PARENTE, G. B. **As Doenças das Jatropas (*Jatropha curcas* L. e *J. podagrica* Hook.) no Estado do Ceará**. Comunicado Técnico [online], 120. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, dezembro 2006. 4 p. ISSN 1679-6535.

FREITAS, R. G. de,. Caracterização de Germoplasma de Pinhão Manso (*Jatropha curcas* L.) por Descritores Morfo-Agronômicos. Universidade Federal de Viçosa, 2010.

GINWAL, H. S.; RAWAT, P. S.; SRIVASTAVA, R. L. Seed source variation in growth performance and oil yield of *Jatropha curcas* Linn, in Central India. **Silvae Genetica**, v. 53, p. 186-192, 2004.

GODIN, C.; SINOQUET, H. Functional–structural plant modeling. **New Phytologist**, Oxford, v. 166, n. 3, p. 705–708, Jun. 2005.

GODIN, C. Representing and encoding plant architecture: a review. **Annals of Forest Science**, v.57, p.413-438, 2000.

GOEL, G.; MAKKAR, H. P. S.; FRANCIS, G.; BECKER, K. Phorbol esters: structure, biological activity, and toxicity in animals. **International Journal of Toxicology**, Denver, v.26, n.4, p.279-288, 2007.

GUPTA, S.; SRIVASTAVA, M.; MISHRA, G. P.; NAIK, P. K.; CHAUHAN, R. S.; TIWARI, S. K.; KUMAR, M.; SINGH, R. Analogy of ISSR and RAPD markers for comparative analysis of genetic diversity among different *Jatropha curcas* genotypes. **African Journal of Biotechnology**, v. 7, p. 4230-4243. 2008.

HELLER, J. Physic nut. *Jatropha curcas* L. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. Rome: **Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research**, 1996. 66 p.

HÖRING, C. F.; MALAVASI, M. M.; MALAVASI, U. C. Armazenamento não Controlado na qualidade de sementes de *Jatropha curcas* L. **Revista Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 2, p. 521-526, 2011.

INTERNATIONAL ENERGY AGENCY (**IEA, 2015**). Disponível em:  
<http://www.iea.org/topics/renewables/> Acesso em 07/04/2015.

IROLIVEA, E. A. M. *et al.* Efeito do espaçamento entre plantas e da arquitetura varietal no comportamento vegetativo e produtivo da mandioca. **Scientia Agrícola**, v. 55, n. 2, p. 1998.

JUHÁSZ, A. C. P.; PIMENTA, S.; SOARES, B. O.; MORAIS, D. de L. B.; RABELLO, H. de O. Biologia floral e polinização artificial de pinhão-manso no norte de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 9, p. 1073-1077, setembro 2009. ISSN 1678-3921.

KELLEY, L. A., GARDNER, S. P., SUTCLIFFE, M. J. An automated approach for clustering an ensemble of NMR-derived protein structures into conformationally related subfamilies. **Protein Eng.** 11,1063-1065, 1996.

KRISHNAMURTHY, L.; ZAMAN-ALLAH, M.; MARIMUTHU, S.; WANI, S.P.; RAO, A.V.K. Root Growth in *Jatropha* and its implications for drought adaptation. **Biomass and Bioenergy**. v.39, p. 247-252, 2012.

LAVIOLA, B.G.; ROSADO, T.B.; BHERING, L.L.; KOBAYASHI, A.K.; RESENDE, M.D.V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 45, p. 1117-1123, 2010.

LEAL, C. K. A.; AGRA, M.F. Estudo farmacobotânico comparativo das folhas de *Jatropha molissima* (Pohl) Baill. e *Jatropha ribifolia* (Pohl) Baill. (Euphorbiaceae). *Acta Farmaceutica Bonaerense*, 24(1): 5-13. 2005.

LEÓN ENRIQUEZ, B. L.; VESTER, H. F. M.; HALLÉ, F.. The architecture of *Phyllanthus acuminatus* Vahl: a prelude to understanding the architectural evolution in the Phyllanthaceae. *Adansonia* 30: 137-149. 2008.

MAES, W. H.; ACHTEN, W. M. J.; REUBENS, B.; RAES, D.; SAMSON, R.; MUYS, B. Plant-water relationships and growth strategies of *Jatropha curcas* L. seedlings under different levels of drought stress. *Journal of Arid Environments* 73, 877-884. 2009.

MAKKAR, H. P. S., HERRERA J. M., BECKER K. . Variation in seed number per fruit, seed physical parameters and contents of oil, protein and phorbol esters in toxic and non-toxic genotypes of *Jatropha curcas*. *J. Plant Sci.* 4: 260–265. 2008.

MOTA, C. J. A.; PESTANA, C. F. M. Co-produtos da Produção de Biodiesel. *Revista Virtual de Química*. ISSN 1984-6835. 2011.

NAYAK, B. S. PATEL, K. N. Physicochemical Characterization of Seed and Seed Oil of *Jatropha curcas* L. Collected from Bardoli (South Gujarat). *Sains Malaysiana*. n° 39, 951-955p. 2010.

NIENHUIS, J.; SINGH, S. P. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components and architectural traits in dry bean. *Crop Science*, v.26, p.21-27, 1986.

NUNES, C. F.; SANTOS, D. N. dos; PASQUAL, M.; VALENTE, T. C. T. Morfologia externa de frutos, sementes e plântulas de pinhão-manso. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 44, n. 2, p. 207-210, 2009.

ONE, K. T.; MUAKRONG, N.; PHETCHARAT, C.; TANYA, P.; SRINIVES, P. Inheritance of dwarfiness and erect growth habit in progenies of *Jatropha curcas* x *Jatropha integerrima*. *Journal of the American Society for Horticultural Science* Vol. 139 No. 5 pp. 582-586. 2014.



PAIVA NETO, V. B. de; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. de; ZUFFO, M. C. R.; ALVAREZ, R. de C. R. Aspectos da Biologia Reprodutiva de *Jatropha curcas* L. **Ciênc. agrotec.**, Lavras, v. 34, n. 3, p. 558-563, maio/jun., 2010.

PARTHIBAN, K. T.; SELVAN, P.; PARAMATHMA, M., UMESH KANA, S., KUMAR, P., SUBBULAKSHMI, V., VENNILA, S. Physico-chemical characterization of seed oil from *Jatropha curcas* L. genetic resources. **Journal of Ecology and the Natural Environment** Vol. 3(5), pp. 163-167, Maio, 2011. ISSN 2006- 9847.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2011. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em: URL <http://www.r-project.org/>.

RAO, G. R.; KORWAR, G. R.; SHANKER, A. K.; RAMAKRISHNA, Y. S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees: Structure and Function**, Berlin, v. 22, p. 697-709, 2008. ISSN 1432-2285.

RASBAND, W. ImageJ [software on the Internet] Version 1.42 q [cited 2002 July 5].

REIS, M. V. M. Lista Preliminar de Descritores, Caracterização Morfoagronômica e Diversidade Genética em Germoplasma de Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). Dissertação de Mestrado, UFRRJ, 2013.

REIS, M. V. M.; DAMASCENO JUNIOR, P. C.; CAMPOS, T. de O.; DIEGUES, I. P.; FREITAS, S. C. de. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n.2, p.412-420, abr-jun 2015. ISSN 1806-6690

REY, H.; DAUZAT, J.; CHENU, K.; BARCZI, J-F.; DOSIO, G. A.; LECOEUR, J. Using a 3-d virtual sunflower to simulate light capture at organ, plant and plot levels: contribution of organ interception, impact of heliotropism and analysis of genotypic differences. **Annals of Botany**, Oxford v. 101, n. 8, p. 1139-1151, Mai. 2008.

RIBEIRO, N. V. da S. Comportamento de Progênies de Pinhão-mansô (*Jatropha curcas* L.) em Casa de Vegetação e no Campo Quanto a Variáveis Morfoagronômicas. Dissertação de Mestrado, UFRRJ, 2013.

ROSADO, T. B., LAVIOLA, B. G., FARIA, D. A. Molecular markers reveal limited genetic diversity in a large germplasm collection of the biofuel crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. *Crop Science* 50:2372–2382. 2010.

SANTOS, C. M.; ENDRES, L.; WANDERLEY FILHO, H. C. L.; ROLIM, E. V.; FERREIRA, V. M. Fenologia e crescimento do pinhão manso cultivado na zona da mata do Estado de Alagoas, Brasil. *Journal of Agricultural Science*, Cambridge, v.11, n.3, p.201-209, 2010.

SATURNINO, H. M.; PACHECO, D. D.; KAKIDA, J.; TOMINAGA, N.; GONÇALVES, N. P. Cultura do pinhão-mansô (*Jatropha curcas* L.). *Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, v. 26, n. 229, p. 44–78, 2005. ISSN 0100-3364.

SILVA E. N., FERREIRA-SILVA S. L., FONTENELLE A. V., RIBEIRO R. V., VIÉGAS R. A.; SILVEIRA J. A. G. Photosynthetic changes and protective mechanisms against oxidative damage subjected to isolated and combined drought and heat stresses in *Jatropha curcas* plants. *Journal of Plant Physiology* 167, 1157–1164. (2010 b).

SILVA, A. R. Recomendação técnica da cultura de *Jatropha curcas* L, (Pinhão-mansô) para a produção de biocombustível no Distrito Federal, Boletim Técnico, Planaltina, DF, 2006.42p.

SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. *Pesq. Agropec. Bras.* 44: 1647-1652. 2009.

SILVA, E. N. da; RIBEIRO, R.V.; FERREIRA-SILVA, S.L.; VIÉGAS, R.A.; SILVEIRA, J.A.G. Comparative effects of salinity and water stress on photosynthesis, water relations and

growth of *Jatropha curcas* plants. **Journal of Arid Environments**, v.74, p.1130-1137, (2010 a).

SILVA, E. N. da; RIBEIRO, R.V.; FERREIRA-SILVA, S.L.; VIÉGAS, R.A.; SILVEIRA, J.A.G. Salt stress induced damages on the photosynthesis of physic nut young plants. **Scientia Agricola**, v.68, p.62-68, 2011.

SILVA, R. M.; BANDEL, G.; FARALDO, M. I. F.; MARTINS, P. S. Biologia reprodutiva de etnovariedades de mandioca. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.58, n.1, p.101-107, 2001.

SILVA, S. G. A. Caracterização da diversidade de acessos de pinhão-manso In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA, 3., 2008, Salvador. **Resumos...** Salvador: Embrapa Algodão, 2008.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, New Delhi, v.41. p.237-245, 1981.

SINGH, S.P.; GUTIERREZ, J.A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean. II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, v.31, p.23-29, 1991.

SOKAL, R. R. & ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, p. 33-40, 1962.

SOLOMON RAJU, A. J. & EZRADANAM, V. Pollination ecology and fruiting behavior in a monoecious species, *Jatropha curcas* L. (Euphorbiaceae). **Current Science**, Bangalore, v. 83, n.11, p. 1395-1398, 2002.

SPINELLI, V. M.; ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; MARCOLAN, A. L.; VIEIRA, J. R.; FERNANDES, C. de F.; MILITAO, J. S. T.; DIAS, L. A. dos S. Componentes primários e secundários do rendimento de óleo de pinhão-manso. **Ciência Rural**, v.40, p.1752-1758, 2010.

STELL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. **New York: MacGraw-Hill**, 1980.

SUN, Q.; LIB, L.; LIB, Y.; WUA, G.; GEA, X. SSR and AFLP markers reveal low genetic diversity in the biofuel plant *Jatropha curcas* in China. **Crop Science**, v. 48, p. 1865-1871. 2008.

SUNIL, N.; VARAPRASADA, K. S.; SIVARAJ, N.; SURESH KUMAR, T.; BABU ABRAHAM; PRASAD, R. B. N. Assessing *Jatropha curcas* L. germplasm in-situ - A case study. **Biomass and bioenergy**, 32. 198 – 202. 2008. doi:10.1016/j.biombioe.2007.09.003

TAIZ, L. & ZEIGER, E. (2009). Livro: Fisiologia Vegetal, 4<sup>o</sup> edição.

TATIKONDA, L.; WANI, S. P.; KANNAN, S.; THAKUR, B. N.; SREEDEVI, K.; HOISINGTON, D. A.; PRATHIBHA D.; VARSHNEY, R. K. AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L., a biofuel plant. **Plant Science**, v. 176, p. 505-513. 2009.

TAVARES JUNIOR, J. E.; FAVARIN, J. L.; DOURADO NETO, D.; MAIA, A. H. N.; FAZUOLI, L. C.; BERNARDES, M. L. Análise comparativa de métodos de estimativa de área foliar em cafeeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, 199-203, 2002.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v.22, p.577-582, 1999.

TONINI, H.; ARCO-VERDE, M. F. Morfologia da copa para avaliar o espaço vital de quatro espécies nativas da Amazônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 7, p. 633-638, 2005.

VARELLA, C. A. A.; PINTO, F. A. C.; QUEIROZ, D. M.; SENA JÚNIOR, D. G. Determinação da cobertura do solo por análise de imagens e redes neurais. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. Campina Grande-PB. v.6, n.2, p.225-229. 2002.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica** 137, p. 63-67, 2004.

VEILLON, J. M. Architecture of the New Caledonian species of *Araucaria*. In P. B. Tomlinson and M. H. Zimmermann [eds.], *Tropical trees as living systems*, 233–245, **Cambridge University Press**, Cambridge. 1978.

VIDAL, W. N.; VIDAL, M. R. S. **Botânica - Organografia; quadros sinóticos ilustrados de fanerógamos**. 4ª ed. rev. ampl. Viçosa: Editora UFV, 2006. 124 p. ISBN 85-7269-054-9.

WANG, Y.; LI, J. Genes controlling plant architecture. *Curr Opin Biotechnol* 17: 123–129, 2006.

WANG, Y.; LI, J. Molecular basis of plant architecture. **Annual Review of Plant Biology** 59: 253–279. 2008.