

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO, ARQUITETURA
RADICULAR, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
LINHAGENS DE MAMONEIRA**

Helio Gondim Filho

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA

JULHO - 2023

**TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO, ARQUITETURA
RADICULAR, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
LINHAGENS DE MAMONEIRA**

Helio Gondim Filho
Bacharel em Engenharia Agrônômica, UFRB, 2015

Tese apresentada ao Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para a obtenção do Título de Doutor em Ciências Agrárias (Área de Concentração: Fitotecnia).

Orientadora: Profa. Dra. Simone Alves Silva

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA

JULHO - 2023

FICHA CATALOGRÁFICA

G637t

Gondim Filho, Helio.

Tolerância ao déficit hídrico, arquitetura radicular, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de mamoneira / Helio Gondim Filho. Cruz das Almas, BA, 2023. 112f.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Doutorado em Ciências Agrárias.

Orientadora: Profa. Dra. Simone Alves Silva.

1.Mamona – Déficit hídrico. 2.Mamona – Manejo – Irrigação. 3.Semi-Árido – Análise. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Título.

CDD: 633.85

Ficha elaborada pela Biblioteca Universitária de Cruz das Almas - UFRB. Responsável pela Elaboração Antonio Marcos Sarmiento das Chagas (Bibliotecário - CRB5 / 1615).

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO, ARQUITETURA
RADICULAR, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
LINHAGENS DE MAMONEIRA**

Comissão Examinadora da Defesa de Tese

Helio Gondim Filho

Aprovada em 31 de julho de 2023

Profa. Dra. Simone Alves Silva
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Orientadora

Prof. Dr. Júlio César Azevedo Nóbrega
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Interno

Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Externo

Prof. Dr. Diego Fernando Marmolejo Cortes
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Externo

Prof. Dr. Maurício Antônio Coelho Filho
Embrapa Mandioca e Fruticultura - CNPMF
Examinador Externo

DEDICATÓRIA

Dedico à minha esposa Monikuely Mourato

"As coisas que realizamos, nunca são tão belas quanto às que sonhamos, mas às vezes, acontecem coisas tão belas (Giulia), que nunca pensamos em sonhá-las."

AGRADECIMENTOS

A Deus, porque ele amou o mundo de tal maneira que deu o seu filho unigênito para que todo aquele que nele crê, não pereça, mas tenha a vida eterna.

À Prof. Dra. Simone Alves Silva, por seus ensinamentos, suporte, pela atenção, paciência, e pelo exemplo de postura profissional e pessoal.

Ao Prof. Dr. Maurício Antônio Coelho Filho por ceder o laboratório para as análises, pelo suporte, pelas contribuições ao trabalho e pelo exemplo de postura profissional e pessoal.

Ao Prof. Dr. Julio César Azevedo Nóbrega por ceder a casa de vegetação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias pelo suporte, paciência e atenção.

À equipe do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia pelo fornecimento dos insumos e pela atenção.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos colaboradores da Embrapa Mandioca e Fruticultura pelo suporte na condução dessa pesquisa, em especial Camila, Mabel Ribeiro Souza pela amizade e apoio na condução de análises.

Aos meus familiares que tanto contribuíram nesta caminhada e que dividem comigo esta alegria.

Deixo os agradecimentos a todas as pessoas que sempre me incentivaram nessa jornada.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
REFERENCIAL TEÓRICO	
ARTIGO 1	
TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE MAMONEIRA (<i>Ricinus communis</i> L.) EM DUAS SAFRAS AGRÍCOLAS.....	36
ARTIGO 2	
CARACTERIZAÇÃO BIOMÉTRICA E ARQUITETURA RADICULAR INICIAL DE GENÓTIPOS DE <i>Ricinus communis</i> L. EM AMBIENTE PROTEGIDO ...	57
ARTIGO 3	
AVALIAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA (<i>Ricinus communis</i> L.).....	88
CONSIDERAÇÕES FINAIS	110

TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO, ARQUITETURA RADICULAR, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE MAMONEIRA

RESUMO

A mamona (*Ricinus communis* L.) possui boa adaptação a condições abióticas distintas sendo cultivada em todo território nacional. O óleo obtido através das suas sementes possui diversas aplicações industriais e é produzido na sua maior parte por pequenos agricultores na região do semiárido nordestino. Nesta região há ocorrência de déficit hídrico o que reduz a produtividade da mamoneira. A obtenção de cultivares tolerantes ao déficit hídrico tem sido um dos objetivos dos programas de melhoramento genético no mundo. Desta forma, torna-se essencial a avaliação de caracteres relacionados à tolerância ao déficit hídrico, bem como a adaptabilidade e estabilidade de cultivares e linhagens em ambientes contrastantes a fim de indicar com segurança plantas com produtividade satisfatória para as diversas condições edafoclimáticas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a tolerância ao déficit hídrico, a arquitetura radicular e a adaptabilidade e estabilidade de linhagens avançadas e parentais de mamoneira. Os experimentos relativos à tolerância ao déficit hídrico e a arquitetura radicular foram realizados na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e na Embrapa Mandioca e Fruticultura na cidade de Cruz das Almas-BA, enquanto os estudos de adaptabilidade e estabilidade foram avaliados a partir de dados provenientes de experimentos conduzidos nas cidades de Alagoinhas, Cruz das Almas, Iraquara e Irecê, todas no Estado da Bahia. O trabalho foi dividido em três capítulos: i) Tolerância ao déficit hídrico de linhagens avançadas de mamoneira (*Ricinus communis* L.) em duas safras agrícolas. ii) Caracterização biométrica e da arquitetura radicular de linhagens avançadas de *Ricinus communis* L. em ambiente protegido. iii) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de mamoneira (*Ricinus communis* L.). No primeiro capítulo foram avaliadas 195 linhagens de mamoneira utilizando-se seis índices de tolerância ao déficit hídrico comparando-se as safras agrícolas de 2011 e 2012. Observou-se que as linhagens UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 e UFRB-130 foram as mais tolerantes ao déficit hídrico. No segundo capítulo foram selecionadas 29 linhagens avançadas e 5 parentais de mamoneira para a avaliação da arquitetura radicular. A seleção das linhagens foi baseada na avaliação dos índices de tolerância ao déficit hídrico do primeiro capítulo. Foi realizada correlação linear de Pearson das variáveis relacionadas com arquitetura radicular com os índices de tolerância ao déficit hídrico obtidos no primeiro capítulo. Observou-se que o comprimento total de raiz (LTOTAL) e o comprimento de raiz de diâmetro de 0-5 mm (LC1) apresentaram correlação positiva significativa com a produtividade de genótipos de mamoneira em condição de estresse hídrico, o que sugere que estas variáveis podem contribuir para selecionar de forma precoce cultivares e linhagens tolerantes ao déficit hídrico. No terceiro capítulo foi avaliada a adaptabilidade e estabilidade de cultivares e linhagens de mamoneira em quatro ambientes utilizando as metodologias AMMI e GGE. Verificou-se que ambos modelos apresentam uma concordância significativa na formação de mega-ambientes. Cruz das Almas foi o ambiente que mais contribuiu para a interação genótipo x ambiente (GxA), enquanto Irecê foi o que menos influenciou a interação G x A. As linhagens UFRB-258, UFRB-248, UFRB-93, UFRB-86, UFRB-208, destacaram-se como mais estáveis, combinando ampla adaptação e produtividade.

Palavras-chave: manejo da irrigação, semiárido, estresse abiótico, radículas.

TOLERANCE TO WATER DEFICIT, ROOT ARCHITECTURE, ADAPTABILITY AND STABILITY OF CASTOR BEAN LINES

ABSTRACT

Castor bean (*Ricinus communis* L.) is well adapted to different abiotic conditions and is cultivated throughout the national territory. The oil obtained from its seeds has several industrial applications and is mostly produced by small farmers in the northeastern semi-arid region. In this region there is occurrence of water deficit which reduces castor bean productivity. Obtaining cultivars tolerant to water deficit has been one of the objectives of genetic improvement programs in the world. In this way, it becomes essential to evaluate traits related to tolerance to water deficit as well as the adaptability and stability of cultivars and strains in contrasting environments in order to safely indicate plants with satisfactory yields for the different edaphoclimatic conditions. The objective of this work was to evaluate tolerance to water deficit, root architecture and adaptability and stability of advanced and parental lines of castor bean. The experiments related to water deficit tolerance and root architecture were carried out at the Federal University of Recôncavo da Bahia and at Embrapa Mandioca e Fruticultura in the city of Cruz das Almas-BA and the adaptability and test were tested from data obtained from treated experiments. in the cities of Alagoinhas, Cruz das Almas, Iraquara and Irecê, all in the State of Bahia. The work was divided into three chapters: i) Water deficit tolerance of advanced castor bean lines (*Ricinus communis* L.) in two agricultural seasons. ii) Biometric and root architecture characterization of advanced strains of *Ricinus communis* L. in protected environment. iii) Adaptability and stability of castor bean (*Ricinus communis* L.) genotypes. In the first chapter, 195 castor bean lineages were evaluated using six water deficit tolerance indices, comparing the 2011 and 2012 harvests. Note that strains UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 and UFRB-130 were the most tolerant to water deficit. In the second chapter, 29 advanced lines and 5 parental lines of castor bean were selected for the evaluation of the root architecture. The selection of the lines was based on the evaluation of the water deficit tolerance indices of the first chapter. Pearson's linear correlation of the variables related to root architecture with the water deficit tolerance indices obtained in the first chapter was performed. It was observed that the total root length (LTOTAL) and the root length from 0-5 mm in diameter (LC1) showed a significant positive correlation with the productivity of castor bean genotypes under water stress conditions, which suggests that these variables can contribute to early selection of cultivars and lines tolerant to water deficit. In the third chapter, the adaptability and stability of castor cultivars and lines in four environments using the AMMI and GGE methodologies was evaluated. It was verified that both models present a significant agreement in the formation of mega-environments. Cruz das Almas was the environment that most contributed to the genotype x environment (GxA) interaction, while Irecê was the one that least influenced the G x A interaction. UFRB-208, stood out as more stable, combining wide adaptation and productivity.

Keywords: irrigation management, semiarid, abiotic stress, radicles.

LISTA DE TABELAS

REFERENCIAL TEÓRICO

Tabela 1 - Produção mundial de mamona por países.....	18
CAPÍTULO 1	
Tabela 1 - Linhagens avançadas do programa de melhoramento genético do NBIO utilizadas no estudo	42
Tabela 2 - Resumo da análise de variância para altura de planta (ALT), número de racemos emitidos (NRE) e produtividade (PROD) de linhagens de mamoneira	46
Tabela 3 - Correlação de Pearson entre os caracteres avaliados e os índices de tolerância à seca	48
Tabela 4 - Análise de componentes principais de caracteres agronômicos de linhagens de mamoneira em duas safras agrícolas, 2011 e 2012	49
CAPÍTULO 2	
Tabela 1 - Identificação das linhagens avançadas e parentais utilizados no experimento	63
Tabela 2 - Variáveis avaliadas durante o experimento.....	64
Tabela 3 - Resumo da análise de variância com quadrados médios, significâncias e coeficientes de variação para variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira, Cruz das Almas, BA, 2022	66
Tabela 4 - Valores médios das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de acordo com o teste de Scott-Knott de 34 linhagens avançadas e parentais de mamoneira, Cruz das Almas, BA, 2022	67
Tabela 5 - Matriz de dissimilaridade das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira, obtidas pela distância euclidiana, Cruz das Almas, BA, 2022	72
Tabela 6 - Valores médios das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira por grupo formado pelo método UPGMA, Cruz das Almas, BA, 2022	74
Tabela 7 - Análise de componentes principais de caracteres agronômicos de genótipos de mamoneira	80
CAPÍTULO 3	
Tabela 1 - Ambientes de condução dos experimentos com seus respectivos dados de coordenadas geográficas, clima predominante, altitude em relação ao nível do mar (Alt), temperatura (T) e precipitação média anual.....	93
Tabela 2 - Linhagens e parentais utilizados no experimento.....	93
Tabela 3 - Resumo da análise de variância conjunta para o potencial produtivo e demais caracteres avaliados em linhagens e parentais da cultura da mamona cultivadas em quatro ambientes em 2014.....	99
Tabela 4 - Valores médio e amplitude de caracteres de linhagens e parentais de mamoneira avaliados em quatro ambientes.	100
Tabela 5 - Análise de variância baseada no modelo AMMI para o potencial produtivo de sementes de sementes de linhagens e parentais de mamoneira cultivadas em três ambientes no ano de 2014.	102

LISTA DE FIGURAS

REFERENCIAL TEÓRICO

Figura 1 - Participação por continentes na produção mundial de mamona..... 17

CAPÍTULO 1

Figura 1 - (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para a altura (ALT) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot da ALT (Y_p e Y_s) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção **Erro! Indicador não definido.**

Figura 2 - (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para o número de ramos emitidos (NRE) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot do NRE (Y_p e Y_s) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção51

Figura 3 - (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para a produtividade (PROD) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot da PROD (Y_p e Y_s) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção52

CAPÍTULO 2

Figura 1 - Dendograma representando a dissimilaridade genética entre 34 linhagens avançadas e parentais de mamoneira, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, considerando variáveis biométricas e de arquitetura radicular, Cruz das Almas, BA, 2022 74

Figura 2 - Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância à seca e altura de genótipos de mamoneira.....76

Figura 3 - Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância à seca e número de ramos emitidos (NRE) de genótipos de mamoneira77

Figura 4 - Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância e produtividade de genótipos de mamoneira 78

Figura 5 - Contribuição de cada para variável para A - PC1 e B - PC2 81

Figura 6 - Análise de agrupamento e componentes principais de genótipos de mamoneira81

CAPÍTULO 3

Figura 1 - Boxplot com apresentação da performance média dos caracteres avaliados em quatro ambientes (ENV1 = Alagoinhas-BA, ENV2 = Cruz das Almas-BA, ENV3 = Iraquara-BA, ENV4 = Irecê-BA) de linhagens avançadas e parentais de mamoneira no ano de 2014 101

Figura 2 - Biplot AMMI1 para o potencial produtivo ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) para 24 genótipos de mamoneira (G) e quatro ambientes (ENV): 1-Alagoinhas-BA; 2-

	Cruz das Almas-BA; 3- Iraquara-BA; 4- Irecê-BA	104
Figura 3	- Biplot AMMI2 para o potencial produtivo (kg.ha ⁻¹) para 24 genótipos de mamoneira (G) e quatro ambientes (ENV): 1-Alagoinhas-BA; 2- Cruz das Almas-BA; 3- Iraquara-BA; 4- Irecê-BA	105
Figura 4	- GGE Biplot “whichwonwhere” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes	106
Figura 5	- GGE Biplot “Mean vs. Stability” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes	107
Figura 6	- GGE Biplot “Ranking of Genotypes” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.....	108
Figura 7	- GGE Biplot “Discriminateness vs. representativeness” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.....	109

INTRODUÇÃO GERAL

A cultura da mamona (*Ricinus communis* L.) é de suma importância devido à sua ampla utilização e potencial econômico em várias regiões do mundo, incluindo regiões áridas, especialmente na Índia, China e no nordeste do Brasil. Além disso, apresenta uma série de características que a tornam uma opção atrativa, como sua resistência a pragas e doenças, capacidade de adaptação a diferentes tipos de solo e seu potencial para a produção de biodiesel (RANA et al., 2012; DALBERTO et al., 2017; YEBOAH et al., 2020).

A região semiárida brasileira é caracterizada por um balanço hídrico negativo, com uma precipitação média anual de menos de 800 mm, uma insolação média de 2800 horas por ano, temperaturas médias anuais de 23°C a 27°C e umidade relativa média do ar em torno de 50% (SANTOS et al., 2017). A maior parte da atividade agrícola nessa região depende das chuvas, e a falta de precipitação adequada leva a sérios impactos ocasionados pela seca (MARENGO et al., 2021).

Diante das mudanças climáticas globais, as plantas estão cada vez mais submetidas a estresses abióticos, como o déficit hídrico, que é um dos principais estresses ambientais enfrentados pelas plantas (CHAUDHRY; SIDHU, 2021). Neste sentido, a avaliação dos índices de tolerância ao déficit hídrico é crucial para selecionar variedades que sejam mais tolerantes e capazes de manter um bom rendimento mesmo em condições de escassez de água.

Outro aspecto importante a ser considerado na seleção de plantas tolerantes ao déficit hídrico, é a arquitetura radicular, ou seja, a estrutura e distribuição do sistema de raízes. A arquitetura radicular desempenha um papel fundamental na absorção de água e nutrientes, bem como na resistência a condições adversas do solo. Portanto, a avaliação desta característica é fundamental para identificar variedades com maior capacidade de explorar o solo em busca de recursos hídricos, mesmo em situações de estresse (MOHAMMADI ALAGOZ, et al., 2022).

Além disso, a adaptabilidade e estabilidade das culturas frente às mudanças climáticas são aspectos cruciais a serem considerados. Com as mudanças no clima, as condições ambientais se tornam cada vez mais

imprevisíveis, com aumento da probabilidade de ocorrência de eventos extremos (IPCC, 2014). Nesse sentido, é essencial identificar variedades que sejam adaptáveis a diferentes condições climáticas e que mantenham um desempenho estável ao longo do tempo, independentemente das variações climáticas.

A avaliação da adaptabilidade de genótipos frente ao déficit hídrico, principal estresse abiótico para cultura da mamona em condições cultivadas no Brasil, é de fundamental importância para garantir a produtividade e sustentabilidade da cultura nos cenários de mudanças climáticas. Avaliações de índices de tolerância ao déficit hídrico, estabilidade de produção em diferentes regiões e safras, bem como conhecimento detalhado da arquitetura radicular de plantas, podem contribuir para o desenvolvimento de estratégias de manejo e seleção de variedades que sejam mais resilientes e capazes de enfrentar os desafios impostos pelas condições climáticas em constante transformação.

A realização deste trabalho teve como objetivo investigar aspectos relacionados à tolerância ao déficit hídrico em linhagens avançadas de mamoneira, comparando duas safras. Além disso, buscou-se avaliar o crescimento inicial e estabelecer correlações entre parâmetros da arquitetura radicular e a produção em campo. Também foi objetivo deste estudo avaliar a adaptabilidade e estabilidade da produção de diferentes genótipos de mamoneira em diversos ambientes. . Para facilitar a compreensão dos resultados obtidos, a pesquisa foi dividida em três capítulos, cada um com as seguintes descrições das hipóteses:

Capítulo 1: A variação climática observada comparando-se as safras agrícolas de 2011 e 2012 afetou o crescimento e a produção de linhagens de mamoneira e a utilização de índices de tolerância ao déficit hídrico permite discriminar linhagens sensíveis e tolerantes à escassez hídrica.

Capítulo 2: Existe variação entre linhagens avançadas de mamoneira em relação ao crescimento inicial e os caracteres relacionados à arquitetura radicular obtidos em casa de vegetação podem se correlacionados com variáveis coletadas em campo e utilizados na pré-seleção de linhagens tolerantes ao déficit hídrico.

Capítulo 3: Existe variabilidade na adaptabilidade e estabilidade de

linhagens avançadas de mamoneira avaliadas em quatro ambientes distintos do Estado da Bahia.

REFERENCIAL TEÓRICO

A cultura da mamoneira e sua importância agroeconômica

A mamona é nativa da Etiópia, África tropical. Em 1753, Linnaeus identificou o gênero *Ricinus*. L. e J. Mueller Argavoskii o descreveu e colocou na família Euphorbiaceae, reconhecendo apenas uma espécie *R. communis* L. (KIRAN; PRASAD, 2017). Essa espécie tolera bem o estresse hídrico, tornando-se uma cultura viável para a região semiárida do Brasil, onde existem poucas alternativas agrícolas lucrativas (SAUSEN; ROSA, 2010).

Nessa região, a precipitação anual varia de 500 a 750 mm na maioria dos lugares, com valores abaixo de 400 mm em algumas áreas, chegando a um mínimo de 275 mm. Além dos baixos valores de precipitação, a alta variabilidade temporal das chuvas torna essa região vulnerável as secas (MARENGO et al., 2021;).

Atualmente a mamona é produzida em 47 países em uma área plantada próxima de 1,3 milhão de hectares e uma produção total de aproximadamente 1,4 milhão de toneladas (FAO, 2023). Os principais continentes produtores são: Ásia com aproximadamente 89,61% da produção mundial, África com cerca de 8,50% do total mundial e Américas responsáveis por aproximadamente 2,00% da produção de mamona no mundo (FAO, 2023) (Figura 1).

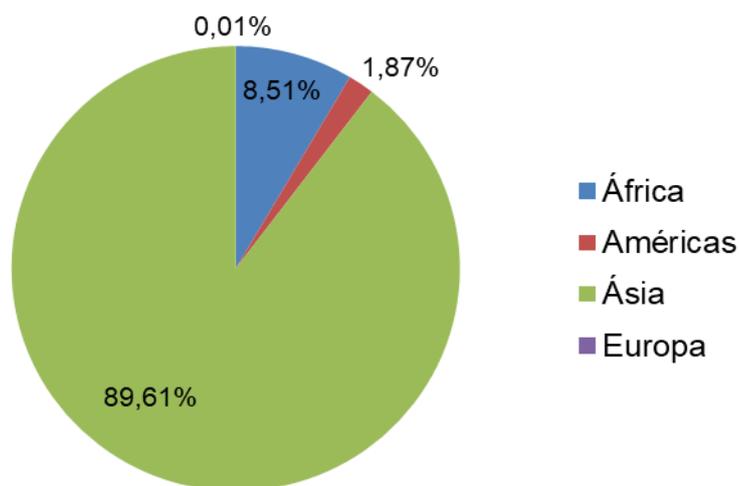


Figura 1. Participação por continentes na produção mundial de mamona

Fonte: FAO (2023).

Entre os países, a Índia é o principal produtor mundial de mamona respondendo por 84% do total, seguida por Moçambique, que produz aproximadamente 6% da mamona do mundo. Completa a lista a China, com 2%, Myanmar e o Brasil com cerca de 1% da mamona produzida (Tabela 1).

Tabela 1. Produção mundial de mamona por países

Posição	País	Produção (t)	% total	Área (há)	% total
1º	Índia	1198000	84%	900000	69%
2º	Moçambique	85436	6%	225332	17%
3º	China	27000	2%	16000	1%
4º	Brasil	14224	1%	46075	4%
5º	Myanmar	12068	1%	14498	1%
	Outros	86376	6%	94952	7%
	Mundo	1423104	100%	1296857	100%

Fonte: FAO (2023).

A importância econômica da mamona está aumentando, pois, é cada vez mais cultivada para processamento comercial. No geral, o óleo extraído de suas sementes vem sendo utilizado para diversos fins industriais como fabricação de tintas e vernizes, polímeros sintéticos do tipo náilon, fluidos hidráulicos, lubrificantes e cosméticos.

Apresenta folhas simples grandes, com largura do limbo variando de 10 a 40 cm, podendo chegar a 60 cm no comprimento maior, do tipo digitolobadas, denticuladas de pecíolos longos com 20 a 50 cm de comprimento. As principais variações nas folhas da mamona são na cor, na cerosidade, no número de nervuras principais, no comprimento do pecíolo e na profundidade dos lóbulos (MILANI, 2022).

O caule apresenta grande variação de cor, presença de cera, rugosidade e nós bem definidos, com cicatrizes foliares proeminentes. O caule é geniculado, espesso e ramificado, terminando com a inflorescência, tipo racemo. A haste principal cresce verticalmente sem ramificação, até o surgimento da primeira inflorescência, vulgarmente denominada cacho principal. Os ramos laterais desenvolvem-se da axila da última folha, logo abaixo da inflorescência. A haste principal e as ramificações podem ser cobertas por uma capa de cera, sendo abundante em plantas jovens (BELTRÃO; AZEVEDO, 2007).

A mamoneira apresenta sistema radicular pivotante e raízes fistulosas, bastante ramificadas (WEISS, 1983). Os tipos gigantes apresentam raízes semelhantes às das árvores e podem atingir alguns metros de profundidade, dependendo do tipo de solo. Nos tipos comerciais, a raiz principal penetra no solo até três metros, podendo atingir até seis metros de profundidade (POPOVA; MOSHKIN, 1986). Anatomicamente, a raiz consiste de periderme, do córtex e do cilindro central; apresenta lenticelas na parte externa, especialmente na raiz principal; internamente, tem-se o floema no limite do cilindro central e o xilema no interior, que são elementos de condução das plantas (BELTRÃO; AZEVEDO, 2007).

O fruto desta planta é uma cápsula tricoca, podendo apresentar tipos diferentes quanto ao aspecto externo, isto é, com presença e ausência de espinhos e quantidade de espinhos, além da coloração. Quanto à deiscência, as plantas se classificam em: indeiscentes, semideiscentes e deiscentes (COSTA et al., 2014).

A semente tem forma variável, podendo ser ovóide ou oblonga, com superfície dorsal arqueada e proeminente carúncula; sua coloração é bastante variável, como branca, cinza, preta, marrom, castanho, vermelho, rajada de diversas cores ou com mosqueamentos característicos. Constitui-se de tegumento (externo e interno, representando de 20% a 25% do peso da semente, nas cultivares comerciais); carúncula (estrutura esponjosa originada da divisão celular do tegumento próximo à micrópila); endosperma (rico em óleo e proteína) e embrião (composto pelos cotilédones, radícula, hipocótilo e epicótilo) (MILANI, 2022).

Essa Euforbiácea apresenta metabolismo fotossintético do tipo C₃, com pouca eficiência. Possui elevada taxa de fotorrespiração, que tem como substrato o glicolato e envolve de forma participativa as três organelas da célula vegetal - o cloroplasto, a mitocôndria e os peroxissomas, simultaneamente, representando a diminuição de CO₂, que poderia ser incorporado e transformado em componentes orgânicos (CONN; STUMPF, 1980).

A mamona é uma planta de clima tropical e, por isso, se adapta bem em locais de temperatura do ar variando entre 20 e 30° C, precipitações pluviais mínimas de 500 mm, elevada insolação, e baixa umidade relativa do ar,

durante a maior parte do seu ciclo. Prefere solos de textura média, não muito argiloso, planos ou de relevo suave ondulado, sem perigo de encharcamento ou inundação. Não suporta solos muito salinos preferindo solos com condutividade elétrica abaixo de $3,0 \text{ dS m}^{-1}$ e com baixa sodicidade. A altitude do local deve ser de no mínimo 300 metros, podendo chegar a 1.100 metros (BELTRÃO et al., 2003).

A altitude é ponderada como fator secundário e também é de suprema relevância nos aspectos fisiológicos da mamoneira, interferindo assim, em vários outros fatores considerados primários (temperatura do ar, taxa do orvalho, pressão de oxigênio, umidade relativa e nebulosidade). Em virtude disso, interfere também na insolação, na taxa de irradiação e outros processos. Sendo assim, a altitude provoca alteração na fisiologia e bioquímica das plantas no decorrer do seu ciclo de vida e influencia em seu crescimento e fenologia (OLIVEIRA; BELTRÃO, 2012).

A altitude tem sido um dos critérios utilizados para a realização do Zoneamento da Mamoneira. Severino et al. (2010) avaliaram a produtividade de dez genótipos de mamoneira em três localidades com altitude inferior à 300 m nos estados do Rio Grande do Norte e do Ceará. Neste estudo constataram que as cultivares 'Nordestina' e "Al Guarany" e a linhagem avançada 'CNPAM-095' registraram produtividade média acima de 1600 kg ha^{-1} . Silva (2016) registrou produtividade média de 876,20 e $967,52 \text{ kg ha}^{-1}$ para a cultivar 'Nordestina' nos municípios de Alagoinhas (altitude 186,94 m) e Cruz das Almas (altitude de 209,54 m), respectivamente, situados no estado da Bahia.

Melhoramento genético da mamoneira

Os atuais programas de melhoramento da mamoneira, de maneira geral, visam selecionar genótipos com maior resistência a estresses abióticos, tais como inibição de metais pesados, como o cádmio (Cd) bastante tóxico para plantas, animais e seres humanos (SHI; CAI, 2009); déficit hídrico (BABITA et al., 2010); alto teor de sal no solo e na água de irrigação, resultando em alterações morfológicas, estruturais e metabólicas (FERRAZ et al., 2015) e ao metal alumínio, considerado tóxico no solo (Al^{+3}) (PASSOS et al., 2015) .

Busca-se também resistência a fatores bióticos, principalmente devido à

baixa disponibilidade de cultivares resistente a pragas e doenças, como as causadas por insetos, do tipo cigarrinha (*Empoasca flavescens* F.); mancha bacteriana causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *ricini*; podridão radicular causada pelo *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid (PARMAR et al., 2018), a murcha causada pelo *Fusarium oxysporum* f. sp. *ricini* (SHAW et al., 2017) e o mofo-cinzento causado pelo fungo *Amphobotrys ricini* Buchw considerada umas das doenças de maior importância econômica em *R. communis* (YAMUNA et al., 2015).

Os principais BAG de mamona estão localizados em 10 países contendo aproximadamente 11.300 acessos (SEVERINO et al., 2012). Destes, os principais estão na Unidade de Manutenção de Germoplasma na Diretoria de Oleaginosas Research - Índia com 4.307 acessos, das quais 365 são coleções exóticas de 39 países (ANJANI, 2012); nos centros de pesquisas *Institute of Crop Science* e *Institute of Oil Crops Research* na China, com 1.689 e 1.652 acessos conservados, respectivamente (SEVERINO et al., 2012).

No Departamento de Agricultura dos Estados Unidos - USDA que contém 1.033 acessos *in vivo* e é mantido pela Unidade de Conservação de Recursos Fitogenéticos - PGRCU, em Griffin, GA, que tem como objetivo desenvolver cultivares de mamona para produção de biodiesel utilizando genótipos oriundos de expedições de coletas internacionais (WANG et al., 2011); em um BAG com 424 acessos na Colômbia por Corpoica (SEVERINO et al., 2012). No Brasil o Centro Nacional de Pesquisa em Algodão - CNPA, unidade descentralizada da Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária - EMBRAPA, mantém um único BAG com 620 acessos (SEVERINO et al., 2012) e a Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, mantém um com 203 linhagens puras, conservada em BAG na forma *ex situ* e em câmara refrigerada para estocagem de sementes (SILVA et al., 2017).

Os recursos disponíveis nestes BAG internacionais são bastante diversos. Nos germoplasmas indianos foram avaliadas e identificadas várias características morfoagronômicas desejadas. Por exemplo, plantas anãs, com floração e amadurecimento precoce e níveis de ácido ricinoleico baixo a alto (ANJANI, 2010; 2012).

Muitos acessos também foram identificados possuindo resistência às principais pragas e doenças (ANJANI, 2010). Ainda, segundo Severino et al.

(2012), esforços foram iniciados pela *Directorate of Oil seed Research* da Índia para desenvolver coleções nucleares com um número mínimo de genótipos, porém, representativos de mamona e validá-lo em diferentes condições de cultivo, diminuindo assim os custos financeiros, além do número de genótipos duplicados.

No repositório do USDA foi encontrado sementes variando de 370 a 610g na quantidade de óleo (WANG et al., 2011); e também uma grande variação no conteúdo de ricina (PINKERTON et al., 1999). Alguns desses acessos foram usados para o desenvolvimento de '*Brigham*', uma cultivar com baixo teor de ricino (AULD et al., 2009).

Na Colômbia, ainda segundo Severino et al. (2012), muitos esforços têm sido colocados para caracterizar todo material conservado no país. Já na China, apesar do cultivo de mamoneira ser feito há mais de 1.400 anos, a maioria das variedades popularizadas foram desenvolvidas no norte do país, mas expressou baixa resistência a doenças e tolerância ao calor e à umidade no sul da China. Entretanto, esforços têm sido mantidos em estudar a diversidade genética dos acessos de mamoneira do sul da China para fornecer uma base para proteção, pesquisa e utilização eficiente de todo recurso genético conservado (AGYENIM-BOATENG et al., 2019).

De acordo com Lima et al. (2012), no Brasil, os trabalhos de melhoramento genético com a mamoneira iniciaram-se pelo Instituto Agrônomo de Campinas - IAC, em 1936 (KRUG et al., 1943). Após um ano, em 1937, foram instalados ensaios de competição de genótipos de portes alto e anão objetivando à identificação de genótipos mais produtivos, bem como a realização de trabalhos de melhoramento com a cultura.

Na Bahia, os trabalhos com o melhoramento da espécie iniciaram-se na década de 60 pelo Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Leste - IPEAL, com sede na cidade de Cruz das Almas. Com a extinção desse órgão, os trabalhos passaram então a ser conduzidos a partir de 1974 pela Empresa de Pesquisa Agropecuária da Bahia - EPABA, que mais tarde se tornou a Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola - EBDA, que se manteve atuante em 417 municípios do Estado da Bahia com sede na cidade de Itaberaba, a qual passou a conduzir os experimentos a partir da década de 80 (NÓBREGA, 2008; CERQUEIRA, 2008).

A atuação da EBDA teve base no desenvolvimento da agropecuária baiana, com foco no fortalecimento da agricultura familiar, através da prestação de Assistência Técnica e Extensão Rural (ATER), Pesquisa e Classificação de Produtos de Origem Vegetal, fomento em agropecuária e agroindustrialização. A empresa também teve como objetivo estimular e apoiar iniciativas de desenvolvimento rural sustentável, com atividades agrícolas e não agrícolas (LIMA et al., 2012).

Em 2011, foi lançada no mercado uma nova cultivar de mamoneira, a EBDA MPA 34, pela EBDA juntamente com a Secretaria da Agricultura (SEAGRI, 2011). Posteriormente, outras cultivares com características agrônômicas bem adaptadas as condições edafoclimáticas de algumas regiões da Bahia foram lançadas também. A linhagem de maior destaque foi a SIPEAL-28 que apresenta porte médio, caule roxo, sem cera, frutos deiscentes, sementes de cor preta, floração do primeiro cacho com 55 dias, teor de óleo nas sementes de 47,3% e produtividade média em condições de sequeiro de 1300 kg ha⁻¹ de bagas (BELTRÃO, 2006). Apesar dos resultados notórios que a EBDA prestou para o melhoramento genético da cultura da mamoneira, esta instituição teve suas atividades encerradas e a conseqüente extinção da mesma em liquidação por meio do DECRETO Nº 17.037 de Setembro de 2016.

Várias instituições de pesquisa contribuem com o melhoramento da mamona no Brasil, entre elas se destacam a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz- ESALQ, a Universidade Federal de Viçosa - UFV, a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais - EPAMIG, a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará – EPACE, a Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária - IPA (LIMA et al., 2012), a EMBRAPA-CNPA (SEVERINO et al., 2012) e a UFRB, através do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia - NBIO/UFRB (SILVA et al., 2017). O NBIO desenvolve trabalhos significativos e com reconhecimento pela comunidade científica nacional e internacional que objetivam o desenvolvimento de linhagens ou cultivares de mamoneira, subsidiados pela Petrobras Biocombustível e pela Agência Nacional do Petróleo e Gás natural e Biocombustíveis - ANP.

Desde 2005, o NBIO desenvolve trabalhos que vão desde o pré-melhoramento ao melhoramento genético em mamoneira com o objetivo de

selecionar materiais promissores destinados a diversas aplicabilidades que o óleo apresenta. Estes estudos ocorrem por meio do entendimento e utilização de ferramentas que descrevem de forma precisa o fenótipo, como atualmente, com o auxílio de ferramentas que permitem a identificação de moléculas de interesse com potencial biológico, desde a unidade fundamental física e funcional da hereditariedade, os genes, até os seus produtos finais, como as enzimas e proteínas.

Atualmente, quatro novas linhagens com características agronômicas e tecnológicas superiores as comerciais, estão em processo de tramitação para serem lançadas como novas cultivares pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA, como resultado dos trabalhos desenvolvidos pelo Núcleo durante os 15 anos de pesquisa.

O NBIO também já desenvolveu 203 linhagens endogâmicas, obtidas por meio de cruzamentos dialélico parcial entre cinco cultivares parentais, EBDA MPA-17, MIRANTE-10, SIPEAL-28, BRS-149 NORDESTINA e BRS 188-PARAGUAÇU desenvolvidas pela EBDA e EMBRAPA - CNPA. Essas 203 linhagens constituem a base genética para os trabalhos científicos desenvolvidos por este grupo de pesquisa, conservados em BAG na forma *ex situ* e em câmara refrigerada a 8° C e 35% de umidade.

Para obtenção destas linhagens, foram desenvolvidos testes de hibridações (PASSOS et al., 2010), condução da população segregante por autofecundações para avanços até a geração F₆ (OLIVEIRA, 2011; SANTOS, 2013), confirmação da homozigose destas linhagens pela caracterização em nível molecular (MACHADO, 2011; MACHADO et al., 2013), aplicação de descritores morfoagronômicos (OLIVEIRA, 2011; SANTOS, 2013; SILVA et al., 2019), seguido de seleção de linhagens elites (SANTOS et al., 2019), quanto a resistência ao mofo cinzento (SOUSA, 2014) e comportamento germinativo e tolerância ao alumínio na presença de diferentes concentrações de ácido giberélico (ALMEIDA, 2014; PASSOS et al., 2015).

Fenologia de raízes

A tolerância à seca é uma característica complexa, pois há diferentes mecanismos adaptativos e respostas possíveis das plantas à falta de água. Os genótipos podem ser identificados através da análise tanto de características

morfológicas quanto fisiológicas e, por isso, há uma gama de caracteres passíveis de serem utilizadas como critérios de seleção. O ideal é que se avalie um conjunto de parâmetros que podem ser mensurados em diferentes estádios da cultura em experimentos em casa de vegetação e também no campo (GUIMARÃES et al., 2014).

As raízes são essenciais para a produtividade das plantas e possuem uma variedade de funções como: absorção de água e nutrientes, formação de simbiose com outros microrganismos na rizosfera, fixação da planta ao solo e atuação como órgão de armazenamento (KHAN; GEMENET; VILLORDON, 2016). Em ambientes com baixa disponibilidade hídrica, os primeiros órgãos da planta a serem afetados pelo estresse são as raízes (FENTA et al., 2014). A detecção da redução no teor de água do solo ocorre pelo sistema radicular que “comunica”, enviando sinais químicos, à parte aérea, a fim de desencadear respostas adaptativas que irão induzir alterações fisiológicas em diferentes vias metabólicas (RAHNAMA et al., 2011).

A dificuldade de mensuração de parâmetros relacionados à arquitetura radicular sob condições de campo é um grande impedimento para a aplicação efetiva das atuais tecnologias "fenômicas" na seleção assistida por marcadores para melhorar as características do sistema radicular. Abordagens clássicas de fenotipagem radicular no campo, como a análise de núcleos de solo e a aplicação de técnicas de escavação padrão para determinar a profundidade radicular, as densidades de ramificação radicular e o ângulo radicular ainda são aceitas como os melhores métodos (NIELSEN et al., 1997; TRACHSEL et al., 2011). No entanto, tais abordagens não revelam os detalhes mais finos da arquitetura, anatomia (por exemplo, densidades de pelos radiculares) ou função (por exemplo, absorção de nutrientes).

A fenotipagem baseada em imagens de raízes vegetais baseia-se em análises ópticas não destrutivas (sempre que possível) de características vegetais (FURBANK et al., 2011; FIORANI, 2013), e seu principal objetivo é caracterizar as propriedades anatômicas, bioquímicas e fisiológicas da planta (GUO; ZHU, 2014). As características radiculares estão mais relacionadas à tolerância à seca em comparação com a parte aérea das plantas (MOHAMED et al., 2002; MANAVALAN et al., 2010) e são fatores-chave para manter o rendimento das culturas (NARAYANAN et al., 2014) em condições de déficit

hídrico (MANSCHADI et al., 2008; GUPTA et al., 2012). A fenotipagem radicular é tão importante quanto a fenotipagem da parte aérea, porque a capacidade da planta de absorver umidade e nutrientes depende principalmente da arquitetura e função das raízes (LYNCH, 1995; ZHU et al., 2011). Portanto, a fenotipagem radicular é importante para o melhoramento de culturas, embora em condições de campo, a realização de fenotipagem de raízes seja considerada uma tarefa muito difícil (WASAYA et al., 2018).

Características morfológicas da raiz, como densidade de comprimento radicular (DCR), área de superfície específica (SSA) e comprimento específico da raiz (SRL) estão correlacionadas com o aumento da produtividade das culturas em condições de estresse hídrico (TURNER, 2001; VADEZ, 2013).

Vários estudos relataram a importância de um sistema radicular profundo para a absorção de água de camadas mais profundas do solo sob ambientes com estresse hídrico em diversas culturas, como o sorgo (*Sorghum bicolor* L.) (STEELE et al., 2013), leguminosas (HAMMER et al., 2009), arroz (*Oryza sativa* L.) (WASSON et al., 2012)

Adaptabilidade e estabilidade por meio da análise AMMI e GGE

Nos últimos anos, tem sido observado um aumento significativo na quantidade de estudos que enfatizam as análises de interação G x A, resultando no uso de técnicas multivariadas. Embora várias técnicas univariadas sejam facilmente interpretáveis, elas apresentam limitações e críticas tanto do ponto de vista biológico quanto estatístico (KANDUS et al., 2010). É comum resumir a interação G x A em uma estatística univariada (BABIC et al., 2010). Entre as análises multivariadas para dados de Multiambientes, destacam-se o AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) e o GGE (Genotype plus Genotype by Environment), pois eles fornecem gráficos que auxiliam na interpretação (SILVA et al., 2011).

Por muito tempo, essas técnicas foram limitadas a alguns pesquisadores devido às dificuldades de acesso aos recursos computacionais e à falta de programas específicos que tornassem as análises mais práticas e acessíveis. No entanto, com o avanço dos recursos computacionais, as dificuldades para realizar análises multivariadas da interação G x A foram reduzidas. Atualmente,

existem diversos programas estatísticos disponíveis, destacando-se o ambiente estatístico R (R CORE TEAM, 2023). O R é um software livre, amplamente reconhecido no meio científico e não envolve custos adicionais.

A análise multivariada é uma ferramenta estatística que proporciona uma visão abrangente de um fenômeno, estudando as relações entre as variáveis e como seus efeitos influenciam o comportamento dessas variáveis e a totalidade do fenômeno (FERREIRA, 2008). Essa análise é caracterizada por um conjunto de métodos estatísticos e matemáticos que têm como objetivo descrever e interpretar dados provenientes da observação de múltiplas variáveis estudadas em conjunto, incluindo estruturas de correlação (JOHNSON; WICHERN, 2006).

Em relação à estatística multivariada, é importante destacar a relevância do conhecimento computacional, uma vez que diversos métodos de análise multivariada são desenvolvidos em softwares estatísticos, o que facilita significativamente o trabalho do pesquisador. Existem muitas técnicas disponíveis para a análise multivariada, cada uma com sua finalidade específica. Portanto, a escolha da técnica a ser aplicada dependerá do objetivo do pesquisador em relação aos seus dados. Algumas técnicas são utilizadas para predição, outras para aperfeiçoamento e outras para resumir informações, cada uma com seus próprios métodos e aplicações correspondentes (YAN et al., 2000).

A técnica de análise AMMI (Additive Main Effect sand Multiplicative Interaction Analysis), que significa Modelo de Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa, combina diferentes técnicas estatísticas, como análise de variância e análise de componentes principais. Essa abordagem permite ajustar os efeitos principais, como genótipos e ambientes, bem como os efeitos da interação $G \times E$ (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

A análise AMMI combina a análise de variância e a análise de componentes principais para ajustar os efeitos principais, como genótipos e ambientes, bem como os efeitos da interação $G \times A$. Conforme destacado por Gauch e Zobel (1997), essa análise desempenha um papel importante na identificação de genótipos de alta produtividade e amplamente adaptados, além de auxiliar no zoneamento agrônomico para recomendações regionalizadas e na seleção de locais de teste.

Zobel et al. (1988) afirmam que o método AMMI possibilita uma análise

mais detalhada da interação $G \times A$, permitindo a seleção de genótipos mais produtivos, que se beneficiam de interações positivas com ambientes específicos. Além disso, o método proporciona estimativas mais precisas das respostas genóticas e permite uma interpretação gráfica dos resultados da análise estatística de forma mais acessível.

O GGE biplot enfatiza dois conceitos importantes. Em primeiro lugar, reconhece que o rendimento medido é o resultado combinado do genótipo (G), ambiente (A) e a interação entre eles ($G \times A$). No entanto, apenas os efeitos do genótipo (G) e da interação genótipo-ambiente ($G \times A$) são relevantes e devem ser considerados simultaneamente na avaliação de genótipos, o que justifica o termo "GGE". Em segundo lugar, a técnica de biplot, desenvolvida por Gabriel (1971), é utilizada para aproximar e exibir a interação GGE em um ensaio multiambiental, resultando no termo "GGE biplot". Esse método, proposto por Yan et al. (2000), permite a análise visual da interação genótipo-ambiente em dados de ensaios multiambientais.

Os gráficos do GGE biplot permitem visualizar três aspectos importantes. Primeiro, eles mostram a relação entre genótipos e ambientes, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes. Isso ajuda a identificar genótipos com maior potencial e a sua adaptação em subgrupos de ambientes, também conhecidos como mega-ambientes. Em segundo lugar, os gráficos destacam a interação entre os ambientes, facilitando a identificação do ambiente mais favorável para a avaliação das cultivares e indicando quais ambientes podem ser menos favoráveis. Por fim, os gráficos também evidenciam a interação entre genótipos, facilitando a comparação entre eles e o estabelecimento de um ranking com base em parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2001; YAN; RAJCAN, 2002).

Conforme Yan et al. (2000), o método GGE biplot é considerado superior ao AMMI, pois resulta sempre no melhor modelo da análise AMMI. A diferença fundamental é que o GGE biplot considera os efeitos principais dos genótipos juntamente com o efeito da interação genótipo \times ambiente, enquanto no AMMI esses efeitos principais são estimados como efeitos aditivos separados (Yan et al., 2000). Essa abordagem mais abrangente do GGE biplot contribui para uma melhor compreensão e interpretação dos resultados, levando em consideração

tanto os efeitos principais quanto a interação entre genótipos e ambientes.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, V. O. Avaliação e conservação de sementes de mamoneira quanto ao armazenamento e toxidez ao alumínio. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Disponível em: https://ufrb.edu.br/pgciencias/agrarias/images/TESE_PPGAGRA_VANESSA_DE_OLIVEIRA_ALMEIDA.pdf. Acesso em 14/06/2022.
- ANJANI, K. Castor genetic resources: A primary gene pool for exploitation. **Industrial Crops and Products**, v.35, p.1-14, 2012.
- ANJANI, K. Extra-early maturing germoplasm for utilization in castor improvement. **Industrial Crop & Products**, v.31, p.139-144, 2010.
- ANJANI, K.; RAOOF, M. A.; VARDHANA, REDDY, A. V.; RAO, C. H. Sources of resistance to major castor (*Ricinus communis*) diseases. **Plant Genetic Resources Newsletter**, v.137, p.46-48. 2004.
- AULD, D. L. M. D.; ZANOTTO, T.; MCKEON J. B. M. Castor. In J.Vollmann and I. Rajcan, editors, Oil crops-Handbook of plant breeding. **Springer, New York**, v.1, p.316-332, 2009.
- BABIĆ, V.; BABIĆ, M.; IVANOVIĆ, M.; KRALJEVIĆ-BALALIĆ, M.; DIMITRIJEVIĆ, M. Understanding and utilization of genotype by environment interaction in maizebreeding. **Genetika, Beograd**, v.42, n.1, p.79-90, 2010.
- BABITA, M.; MAHESWARI, M.; RAO, L. M.; SHANKER, A. K.; RAO, D. G. Osmotic adjustment, drought tolerance and yield in castor (*Ricinus communis* L.) hybrids. **Environmental and Experimental Botany**, v.69, p.243–249, 2010.
- CHAUDHRY, S.; SIDHU, G. P. S.Gagan Preet Singh. Climate change regulated abiotic stress mechanisms in plants: **A comprehensive review**. **Plant Cell Reports**, v.41, n.1, p.1-31, 2021.
- BELTRÃO, N. E. de M.; AZEVEDO, D. M. P. de. F. Fitologia. In: AZEVEDO, D. M. P. de; BELTRÃO, N. E. de M. **O agronegócio da mamona no Brasil**. 2.ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2007.
- BELTRAO, N. E. DE M.; OLIVEIRA, M. I. P. de. **Ecofisiologia das culturas de algodão, amendoim, gergelim, mamona, pinhão-manso e sisal**. Brasília, DF: Embrapa, 2012. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/166771/1/ecofisiologia-das-culturas-de-algod-o-amendoim-ger.epub>. Acesso em: 15 abr. 2020.
- BELTRÃO, N. E. M.; SOUZA J. G. Estresse hídrico (deficiência e excesso) e seus efeitos no crescimento inicial da mamoneira, cultivar BRS 188 Paraguaçu.

Revista de Oleaginosas e Fibrosas, v.7, p.735-741, 2003.

CONN, E. E.; STUMPF, P. K. **Introdução a bioquímica**. São Paulo: Edgard Blucher, 525 p. 1980.

COSTA, A. G. F.; SOARES, D. J.; ALBUQUERQUE, F. A. de; ANDRADE, F. P. de; FERREIRA, G. B.; FREITAS, J. G.; ZONTA, J. H.; SEVERINO, L. S.; MILANI, M.; SILVA, O. R. R. F.; GONDIM, T. M. de S.; SOFIATTI, V.; CARTAXO, W. V. **Cultivo da Mamoneira**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2014. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/106594/1/CIRTEC136.pdf>. Acesso em: 25 mai. 2021.

DAI, Z. EDWARDS, G. E. KU, MAURICE. S. Control of photosynthesis and stomatal conductance in *Ricinus communis* L. (castor bean) by leaf to air vapor pressure deficit. **Plant Physiology**, v.99, n.4, p.1426-1434, 1992.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.

FAO 2022. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 15 de jun. 2023.

FENTA, B. A.; BEEBE, S. E.; KUNERT, K. J.; BURRIDGE, J. D.; BARLOW, K. M.; LYNCH, J. P.; FOYER, C. H. Field phenotyping of soybean roots for drought stress tolerance. **Agronomy**, v.4, n.3, p.418-435, 2014.

FERRAZ, R. L. S.; MAGALHÃES, I. D.; BELTRÃO, N. E. M.; MELO, A. S.; BRITO NETO, J. F.; ROCHA, M. S. Photosynthetic pigments, cell extrusion and relative leaf water content of the castor bean under silicon and salinity. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 19, p. 841-848, 2015.

FERREIRA, D. F.; **Estatística Multivariada**, 1º edição, ed. UFLA, 2008.

FIORANI, F.; SCHURR, U. Future scenarios for plant phenotyping. **Annual review of plant biology**, v.64, p.267-291, 2013.

FURBANK, R. T.; TESTER, M. Phenomics—technologies to relieve the phenotyping bottleneck. **Trends in plant science**, v.16, n.12, p.635-644, 2011.

GABRIEL, K. R. The biplotgraphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v.58, n.3, p.453-467, 1971.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R.W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, v.37, p. 311-326, 1997.

GRIMMER, C. KOMOR, E. Assimilate export by leaves of *Ricinus communis* L. growing under normal and elevated carbon dioxide concentrations: the same rate during the day, a different rate at night. **Planta**, v.209, n.3, p.275-281, 1999.

GUIMARAES, P. S.; BERNINI, C. S.; PEDROSO, F. K.; PATERNIANI, M. E. Characterizing corn hybrids (*Zea mays* L.) for water shortage by principal components analysis. **Maydica**, v.59, n.1, p.72-79, 2014.

GUO, Q.; ZHU, Z. Phenotyping of plants. **Encycl. Anal. Chem**, v.34, p.1-15, 2014.

GUPTA, P. K.; BALYAN, H. S.; GAHLAUT, V.; KULWAL, P. L. Phenotyping, genetic dissection, and breeding for drought and heat tolerance in common wheat: status and prospects. **Plant breeding reviews**, v.36, p.85-168, 2012.

HAMMER, G. L.; DONG, Z. S.; MCLEAN, G.; DOHERTY, A.; MESSINA, C.; SCHUSLER, J.; ZINSELMEIER, C.; PASZKIEWICZ, S.; COOPER, M. Can changes in canopy and/or root system architecture explain historical maize yield trends in the US corn belt?. **Crop Science**, v.49, n.1, p.299-312, 2009.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W.; AppliedMultivariateStatisticalAnalysis. New Jersey: Prentice-Hall, FifthEdition, 2006. 767 p.

KANDUS, M.; ALMORZA, D.; BOGGIO RONCEROS, R.; SALERNO, J. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). **Phyton**, Buenos Aires, v.79, n.1,p.1851-5657, 2010.

KHAN, M. A.; GEMENET, D. C.; VILLORDON, A. Root system architecture and abiotic stress tolerance: current knowledge in root and tuber crops. **Frontiers in Plant Science**, v.7, p.1-13, 2016.

LYNCH, J. Root architecture and plant productivity. **Plant physiology**, v.109, n.1, p.7-13, 1995.

MACHADO, E. L. **Genotipagem, teor de óleo, otimização do método gravimétrico e desenvolvimento de marcadores microssatélite em *Ricinus communis* L.** Orientador: Simone Alves Silva. 2011. Tese (Doutorado) Programa de Pós Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das AlmasBA, Disponível em:http://repositorio.ufrb.edu.br/bitstream/123456789/554/1/Edna_Lobo_Machado.pdf. Acesso em: 22/05/2021.

MANAVALAN, L. P.; GUTTIKONDA, S. K.; NGUYEN, V. T.; SHANNON, J. G.; NGUYEN, H. T. Evaluation of diverse soybean germplasm for root growth and architecture. **Plant and soil**, v.330, p.503-514, 2010.

MANSCHADI, A. M.; HAMMER, G. L.; CHRISTOPHER, J. T.; DE VOIL, P. Genotypic variation in seedling root architectural traits and implications for drought adaptation in wheat (*Triticuma estivum* L.). **Plant and soil**, v.303, p.115-129, 2008.

MILANI, M. Características da planta. Embrapa, 23 fev. 2022. Disponível em:Características da planta - Portal Embrapa. Acesso em: 13 mar. 2022.

MOHAMED, M. F.; KEUTGEN, N.; TAWFIK, A. A.; NOGA, G. Dehydration-avoidance responses of tepary bean lines differing in drought resistance. **Journal of Plant Physiology**, v.159, n.1, p.31-38, 2002.

MOHAMMADI ALAGOZ, S.; ZAHRA, N.; HAJIAGHAEI KAMRANI, M.; ASGARI LAJAYER, B.; NOBAHARAN, K.; ASTATKIE, T.; FAROOQ, M. **Journal of Plant Growth Regulation**, p.1-16, 2022.

NARAYANAN, S.; MOHAN, A.; GILL, K. S.; PRASAD, P. V. V. Variability of root traits in spring wheat germplasm. **PLoS One**, v.9, n.6, p.1-15, 2014.

NIELSEN, K. L.; LYNCH, J. P.; WEISS, H. N. Fractal geometry of bean root systems: correlations between spatial and fractal dimension. **American Journal of Botany**, v.84, n.1, p.26-33, 1997.

OLIVEIRA, R. S. Avaliação de população segregante (F3) de mamoneira em condições do recôncavo baiano. Orientador: Simone Alves Silva. 2011. Dissertação (Mestrado -Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, 2011. Disponível em: <https://ufrb.edu.br/pgcienciasagrarias/teste/category/26ano-2011?download=301>. Acesso em: 21/05/2021.

PARMAR, H.; KAPADIYA, K. J.; BHALIYA, C. M. Integrated management of root rot of castor (*Ricinus communis* L.) caused by *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. **International Journal of Chemical Studies**, v. 6, p. 849-851, 2018.

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; SOUZA, C. D. S.; SOUZA, C. M. M. D.; FERNANDES, L. D. S. Parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.7, p. 709-714, 2010.

PASSOS; A. R.; SILVA; S. A.; HARTWIG; I.; HAWERROTH; M. C.; SANTOS; K. S.; SOUZA; C. M. M. Avaliação de cultivares de mamoneira para tolerância ao alumínio tóxico e insensibilidade ao ácido giberélico. **Magistra**, v.27, p.73-81, 2015.

PINKERTON, S. D.; ROLFE, R.; AULD, D. L.; GHETIE, V.; LAUTERBACH, B. F. Selection of castor for divergent concentrations of ricin and *Ricinus communis* Agglutinin. **Crop Science, Madison**, v. 39, p. 353-357, 1999.

POPOVA, G. M.; MOSHKIN, V. A. **Botanical Classification**. In: MOSHKIN, V. A. (Ed.) Castor. New Delhi: Amerind, 1986. cap.3, p.11-27

RANA, M.; DHAMIJA, H.; PRASHAR, B.; SHARMA, S. *Ricinus communis* L.-a review. **International Journal of PharmTech Research**, v.4, n.4, p.1706-1711, 2012.

R CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing , 2023.

RAHNAMA, A.; MUNNS, R.; POUSTINI, K.; WATT, M. A screening method to identify genetic variation in root growth response to a salinity gradient. **Journal of experimental botany**, v.62, n.1, p.69-77, 2011.

REYNOLDS, M.; DRECCER, F.; TRETOWAN, R. Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. **Journal of Experimental Botany**, v.58, n.2, p.177-186, 2007.

SANTOS, L. A. D.; SILVA, S. A.; SOUZA, D. R. D.; ARAUJO, G. D. M.; ALMEIDA, V. D. O.; NEVES, C. G. Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, v.49, n.1, p.1-6, 2019.

SAUSEN, T. L.; ROSA, L. M. G. Growth and carbon assimilation limitations in *Ricinus communis* (Euphorbiaceae) under soil water stress conditions. **Acta Botanica Brasilica**, v.24, n.3, p.648-654, 2010.

SANTOS, L. A. **Seleção de linhagens elites de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio do desempenho morfoagronômico e molecular no Estado da Bahia**. Orientador: Simone Alves Silva. 2013. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas – BA, disponível em: https://ufrb.edu.br/pgcienciasagrarias/images/TESE_PPGAGRA_LAURENICE_ARAUJO_DOS_SANTOS.pdf. Acesso em 23/05/2021.

SEVERINO, L. S.; AULD, D. L.; BALDANZI, M.; CANDIDO, M. J. D.; CHEN, G.; CROSBY, W.; TAN, D.; HE, X.; LAKSHMAMMA, P.; LAVANYA, C.; MACHADO, O. L. T.; MIELKE, T.; MILANI, M.; MILLER, T. D.; MORRIS, J. B.; MORSE, S. A.; NAVAS, A. A.; SOARES, D. J.; SOFIATTI, V.; WANG, M. L.; ZANOTTO, M. D.; A Review on the Challenges for Increased Production of Castor. **Agronomy Journal**, v.104, p.853-880, 2012.

SHAW, R. K.; KADIRVEL, P.; SHAIK, M.; PRASAD, M. S. L.; PRASAD, R. D.; SENTHILVEL, S. Genetic characterization of resistance to wilt disease caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *ricini* in castor (*Ricinus communis* L.). **Plant Genetic Resources**, v.16, p.169-177, 2017.

SILVA, A. R. D., SILVA, S. A., DOS SANTOS, L. A., DE SOUZA, D. R., ARAUJO, G. D. M., DANTAS, J. L. L. VELLO LOYOLA DANTAS, A. C. Characterization and performance of castor bean line ages and parents at the UFRB germplasm bank. **PLoS one**, v.14, n.1, p.1-15, 2019.

SILVA, A. R.; SILVA, S. A.; SANTOS, L. A.; SOUZA, D. R.; ARAUJO, G. M.; MOREIRA, R. F. C. Genetic divergence among castor bean lines and parental strains using Ward's method based on morpho-agronomic descriptors. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.39, p.307-313, 2017.

SILVA, F. V. F. S. **Metabolismo e crescimento de *Ricinus communis* L. sob temperatura supraótima e elevado nível de CO₂**. 2011. 79f. Dissertação

(Mestrado) - Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2011.

SILVA, G. O. D.; CARVALHO, A. D. F. D.; VIEIRA, J. V.; BENIN, G Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, v.70, n.3, p.494-501, 2011.
SILVA, M. S.; SILVA, S. A. ; ALMEIDA, V. O. ; LEDO, C. A. S. ; ARAUJO SILVA, GILMARA DE MELO ; CONCEIÇÃO, ANTONIO LEANDRO DA SILVA . Avaliação e seleção de linhagens de mamoneira ao alumínio tóxico em solução nutritiva. **Agrarian**, v.12, p.137-148, 2019.

SILVA, V. **Divergência genética, interação G x E, adaptabilidade e estabilidade de linhagens elites e cultivares de mamoneira no estado da Bahia**. 2016. 95f. Tese (Doutorado em Ciências Agrárias) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2016.

SOUSA, F. Q. **Variabilidade genética e prospecção da resistência ao mofo cinzento (*Amphobotryscini* (n. f. buchw.) hennebert) em genótipos de mamoneira**. Orientador: Simone Silva Alves. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas-BA, Disponível em: Dissertações Defendidas - Ano 2014 (17) (ufrb.edu.br),b Acesso em: 11/06/2021.

STEELE, K. A.; PREÇO, A. H.; WITCOMBE, J. R.; SHRESTHA, R.; SINGH, B. N.; GIBBONS, J. M.; VIRK, D. S. QTLs associated with root traits increase yield in upland rice when transferred through marker-assisted selection. **Theoretical and applied genetics**, v.126, p.101-108, 2013.

TRACHSEL, S.; KAEPLER, S. M.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Shovelomics: High throughput phenotyping of maize root architecture in the field. **Plant Soil**, v.341, p.75-97, 2011.

TURNER, C. N.; WRIGHT, G. C.; SIDDIQUE, K. H. H. Adaptation of grain legumes (pulses) to water-limited environments. **Advances in Agronomy**. v.71, p.193-231, 2001.

VADEZ, V.; RAO, J. S.; BHATNAGAR-MATHUR, P.; SHARMA, K. K. DREB1A promotes root development in deep soil layers and increases water extraction under water stress in groundnut. **Plant Biology**, n.15, p.45-52, 2013.

WANG, M. L.; MORRIS, J. B.; TONNIS, B.; PINNINOW, D.; DAVIS, J.; RAYMER, P.; PEDERSON, G. A. Screening of the Entire USDA Castor Germplasm Collection for Oil Content and Fatty Acid Composition for Optimum Biodiesel Production. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.59, p. 9250-9256, 2011.

WASAYA, A.; ZHANG, X.; FANG, Q.; YAN, Z. Root phenotyping for drought tolerance: a review. **Agronomy**, v.8, n.11, p.1-19, 2018.

WASSON, A. P.; RICHARDS, R. A.; CHATRATH, R.; MISRA, S. C.; PRASAD, S. V. S.; REBETZKE, G. J.; KIRKEGAARD, J. A.; CHRISTOPHER, J.; WATT,

M. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. **Journal of experimental botany**, v.63, n.9, p.3485-3498, 2012.

WEISS, E. A. 1983 **Oilseed crops**. London: Longman, 660p. YAMUNA, C.; VARMA, P. K.; PRASAD, R. D.; LAKSHMI, K. V. Morphological and molecular characterization of anamorph associated with gray mold of castor (*Ricinus communis* L.). **Journal of Oilseeds Research**, v. 32, p. 63-67, 2015.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. TWO TYPES OF GGE BILOT FOR ANALYZING multienvironmenttrial data. **Crop Science**, v.41, p.656-663, 2001.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluationandmega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v.40,n.3, p.597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. GGE BiplotAnalysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL, USA, 2003.271p.

YEBOAH, A.; LU, J.; GU, S.; SHI, Y.; AMOANIMAA-DEDE, H.; AGYENIM-BOATENG, K. G.; YIN, X. The utilization of *Ricinus communis* in the phyto management of heavy metal contaminate of soils. **Environmental Reviews**, v.28, n.4, p.466-477, 2020.

ZHU, J.; INGRAM, P. A.; BENFEY, P. N.; ELICH, T. From lab to field, new approaches to phenotyping root system architecture. **Current opinion in plant biology**, v.14, n.3, p.310-317, 2011.

ZOBEL R.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

ARTIGO 1

TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE MAMONEIRA (*Ricinus communis* L.) EM DUAS SAFRAS AGRÍCOLAS

Tolerância ao déficit hídrico de linhagens avançadas de mamoneira (*Ricinus communis* L.) em duas safras agrícolas

Resumo: O déficit hídrico é um dos fatores abióticos que reduz a produção agrícola. A seleção de cultivares com desempenho adaptado ao estresse hídrico tem sido objetivo de vários estudos. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a tolerância ao déficit hídrico de 195 linhagens de mamoneira (*Ricinus communis* L.) comparando seu desempenho em duas safras agrícolas (2011 e 2012). Foram utilizadas as seguintes variáveis: altura de planta, número de racemos emitidos e produtividade. As variáveis foram submetidas à análise de variância e as médias anuais das variáveis estudadas foram comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). A avaliação da tolerância ao déficit das linhagens foi realizada de acordo com seis índices: produtividade geométrica média, índice de tolerância ao déficit hídrico, produtividade média, susceptibilidade, índice de susceptibilidade ao estresse e índice de estabilidade da produção. Os dados referentes aos índices de tolerância ao estresse, assim como os valores das variáveis em cada safra agrícola foram submetidos à análise de correlação de Pearson, agrupamento e de componentes principais. A análise de variância mostrou diferença significativa entre as duas safras agrícolas, sendo registrada redução de 55, 44 e 51% na altura de planta, no número de racemos emitidos e na produtividade, respectivamente. As linhagens UFRB-205, UFRB-193, UFRB-199, UFRB-188, UFRB-7 e UFRB-5 apresentaram maior estabilidade na altura de planta em ambos os períodos de cultivo. As linhagens UFRB-128, UFRB-225, UFRB-33, UFRB-121, UFRB-195 e UFRB-35 foram as mais sensíveis, enquanto que as linhagens UFRB-60, UFRB-249, UFRB-62, UFRB-224, UFRB-67 e UFRB-250 as mais tolerantes. Considerando o número de racemos emitidos, foi observada maior estabilidade para as linhagens UFRB-74, UFRB-210, UFRB-62 e UFRB-256. As linhagens mais sensíveis foram: UFRB-262, UFRB-225, UFRB-76, UFRB-214 e UFRB-141. Por outro lado, as linhagens UFRB-130, UFRB-183, UFRB-236, UFRB-223, UFRB-45 e UFRB-181 foram as mais tolerantes. Em relação à produtividade, as linhagens UFRB-15, UFRB-205, UFRB-224, UFRB-60, UFRB-221 e UFRB-193 apresentaram maior estabilidade na produção. Independentemente do desempenho produtivo, as linhagens UFRB-121, UFRB-225, UFRB-33, UFRB-122, UFRB-143 e UFRB-128 foram consideradas as mais sensíveis e as linhagens UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 e UFRB-130 as mais tolerantes ao déficit hídrico. Os índices de tolerância ao déficit hídrico foram eficientes na seleção das linhagens quanto à tolerância ao déficit hídrico.

Palavras-chave: Índice de tolerância à seca, análise cluster, biplot.

Drought stress tolerance in advanced lines of castor bean (*Ricinus communis* L.) in two cultivation seasons

Abstract: The water deficit is one of the abiotic factors that reduces agricultural production. The selection of cultivars with performance adapted to water stress has been the objective of several studies. In this context, the objective of this work was to evaluate the tolerance to water deficit in 195 lines of castor bean (*Ricinus communis* L.) comparing its performance in two cultivation seasons (2011 and 2012). The following variables were used: plant height, number of racemes emitted and productivity. The variables were subjected to analysis of variance and the annual averages of the variables studied were compared using the Tukey test ($p < 0,05$). The evaluation of the deficit tolerance of the lines was carried out according to six indices: average geometric productivity, index tolerance to water deficit, average productivity, susceptibility, stress susceptibility index and production stability index. The data referring to the stress tolerance indices, as well as the values of the variables in each agricultural harvest, were submitted to Pearson's correlation analysis, grouping and main components. The analysis of variance showed a significant difference between the two agricultural harvests, with a reduction of 55, 44 and 51% in plant height, in the number of racemes emitted and in productivity, respectively. The lines UFRB-205, UFRB-193, UFRB-199, UFRB-188, UFRB-7 and UFRB-5 showed greater plant height stability in both growing periods. The lines UFRB-128, UFRB-225, UFRB-33, UFRB-121, UFRB-195 and UFRB-35 were the most sensitive while the lines UFRB-60, UFRB-249, UFRB-62, UFRB 224, UFRB-67 and UFRB-250 the most tolerant. Considering the number of racemes emitted, greater stability was observed for lines UFRB-74, UFRB-210, UFRB-62 and UFRB-256. The most sensitive lines were: UFRB-262, UFRB-225, UFRB-76, UFRB-214 and UFRB-141. On the other hand, lines UFRB-130, UFRB-183, UFRB-236, UFRB-223, UFRB-45 and UFRB-181 were the most tolerant. Regarding productivity, the lines UFRB-15, UFRB-205, UFRB-224, UFRB-60, UFRB-221 and UFRB-193 showed greater stability in production. Regardless of the productive performance, the lines UFRB-121, UFRB-225, UFRB-33, UFRB-122, UFRB-143 and UFRB-128 were considered the most sensitive and the lines UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 and UFRB-130 the most tolerant to the water deficit. The water deficit tolerance indexes were efficient in the selection of lines in terms of water deficit tolerance.

Keywords: Drought tolerance index, cluster analysis, biplot.

INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma cultura industrial importante com uma ampla variedade de aplicações industriais e farmacêuticas. O Brasil está entre os maiores produtores de mamona do mundo e a produção concentra-se principalmente na região Nordeste. Os cenários de mudanças climáticas globais e regionais indicam que esta região será afetada por déficits de precipitação e aumento da aridez no próximo século (MARENGO et al., 2017; WITT et al., 2023).

Estresse é definido como “uma alteração ambiental que provoca uma alteração funcional”. No caso das plantas, são os fatores ambientais que estão abaixo ou além dos padrões considerados ótimos, de modo a prejudicar seu crescimento e desenvolvimento. Os estresses podem ser de natureza biótica ou abiótica. Os estresses bióticos incluem a interação das plantas com pragas, patógenos ou microrganismos, enquanto os abióticos incluem déficit hídrico, frio, salinidade, calor, alta luminosidade, estresse oxidativo, toxicidade por metais pesados, radiações e luz ultravioleta (ACQUAAH, 2007; ANSARI et al., 2019).

O déficit hídrico é um dos fatores ambientais que mais influenciam a produtividade das culturas, diminui o crescimento, o potencial hídrico foliar, a estabilidade da membrana celular, a taxa fotossintética e o acúmulo de carboidratos (JIANG; HUANG, 2000; TARDIEU et al., 2014; ASSAHA et al., 2016; MAU et al., 2019).

O incremento da tolerância ao estresse hídrico tem sido um objetivo no melhoramento vegetal, embora o sucesso no melhoramento para a tolerância tenha sido restrito em função da característica ser quantitativa e controlada por muitos genes (von KORFF et al., 2008; WEHNER et al., 2016), da dificuldade na eliminação de genes adversos (RICHARDS, 1996) e a falta de procedimentos de seleção adequados, especialmente em condições de campo (KIRIGWI et al., 2004).

Para a avaliação da tolerância ao déficit hídrico, alguns índices de seleção baseados na perda de produção sob condições de estresse em comparação às condições normais têm sido usados para seleção de genótipos tolerantes à seca (GHOLINEZHAD; et al., 2014), como a produtividade

geométrica média (GMP) (FERNANDEZ, 1992), o índice de tolerância à seca (DTI) (FERNANDEZ, 1992), a produtividade média (MP) (ROSIELLE; HAMBLIN, 1981), susceptibilidade (SUS) (HOSSAIN et al., 1990), o índice de susceptibilidade à seca (DSI) (FISCHER; MAURER, 1998) e o índice de estabilidade da produção (YSI) (BOUSLAMA; SCHAPUGH, 1984).

A maioria dos estudos relacionados com os índices de tolerância ao estresse foi realizada com cereais, principalmente cevada (KHALILI et al., 2016; DOROSTKAR et al., 2016; EL-HASHASH; AGWA, 2018) e trigo (MOHAMED; ASHRAF, 2016; MOHAMMADI, 2018). A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é considerada tolerante à seca (SAUSEN; ROSA, 2010; DABERTO et al., 2017), no entanto, os estudos relacionados à tolerância ao déficit hídrico estão relacionados principalmente com parâmetros morfológicos e fisiológicos.

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar a tolerância ao déficit hídrico de linhagens de mamoneira comparando-se duas safras agrícolas.

MATERIAL E MÉTODOS

Localização e descrição climatológica

O experimento foi realizado no campo experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, situada no município de Cruz das Almas-Bahia (12°40'19"S, 39°06'22"W; pluviosidade anual de 1069 mm; altitude de 225 m; temperatura média anual variando de 20,8 a 29,02 °C e clima tropical úmido (Af) (ALVARES et al., 2013; PEREIRA et al., 2021) no período de maio a fevereiro nas safras de 2011 e 2012. O balanço hídrico para a cultura considerando os estádio fenológicos da cultura durante as safras agrícolas deste estudo é apresentada na figura 1.

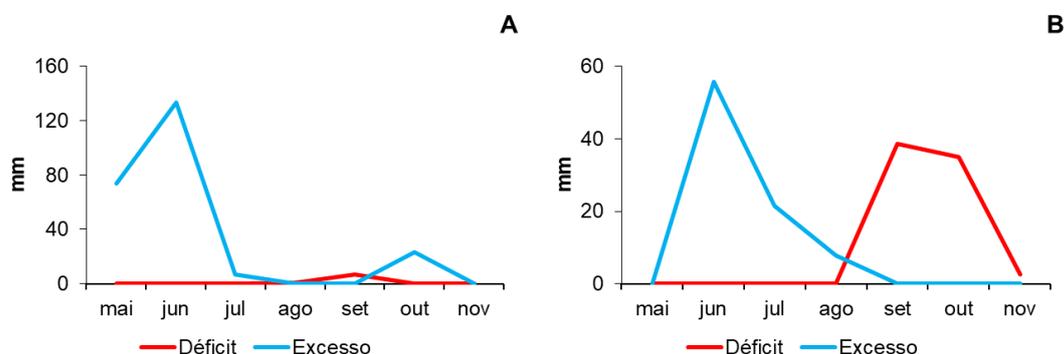


Figura 1. Balanço hídrico para cultura da mamona durante as safras de realização dos experimentos. A - 2011; B - 2012.

O solo é classificado como Latossolo Amarelo Distrocoeso Típico, (BRASIL, 1993, atualizado por Santos et al., 2018).

Delineamento experimental

O delineamento experimental utilizado foi o em blocos inteiramente casualizados, em esquema fatorial 195 x 2, com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de 195 linhagens avançadas de mamoneira e duas safras agrícolas, 2011 e 2012, respectivamente.

Material vegetal

Foram utilizadas 195 linhagens do programa de melhoramento genético do NBIO (Tabela 2), cuja semeadura foi realizada no espaçamento de 3,0 x 1,0 m, com três sementes de cada linhagem e de cada cultivar por cova. O desbaste, com finalidade de manter uma planta por cova foi feito aos 25 dias após a germinação (DAG).

Tabela 2. Linhagens avançadas do programa de melhoramento genético do NBIO utilizadas no estudo

UFRB-1	UFRB 41	UFRB-78	UFRB-123	UFRB-178	UFRB-214	UFRB-249
UFRB-2	UFRB 42	UFRB-79	UFRB-124	UFRB-180	UFRB-216	UFRB-250
UFRB-3	UFRB 43	UFRB-80	UFRB-125	UFRB-181	UFRB-217	UFRB-251
UFRB-4	UFRB-44	UFRB-81	UFRB-128	UFRB-182	UFRB-219	UFRB-252
UFRB-5	UFRB-45	UFRB-82	UFRB-129	UFRB-183	UFRB-220	UFRB-253
UFRB-6	UFRB-46	UFRB-83	UFRB-130	UFRB-184	UFRB-221	UFRB-254
UFRB-7	UFRB-47	UFRB-84	UFRB-131	UFRB-186	UFRB-222	UFRB-256
UFRB-8	UFRB-48	UFRB-85	UFRB-133	UFRB-187	UFRB-223	UFRB-257
UFRB-9	UFRB-50	UFRB-86	UFRB-134	UFRB-188	UFRB-224	UFRB-258
UFRB-10	UFRB-51	UFRB-87	UFRB-135	UFRB-190	UFRB-225	UFRB-259
UFRB-11	UFRB-52	UFRB-88	UFRB-136	UFRB-191	UFRB-226	UFRB-260
UFRB-14	UFRB-54	UFRB-90	UFRB-137	UFRB-192	UFRB-227	UFRB-261
UFRB-15	UFRB-56	UFRB-91	UFRB-138	UFRB-193	UFRB-228	UFRB-262
UFRB-16	UFRB-59	UFRB-92	UFRB-139	UFRB-195	UFRB-229	UFRB-264
UFRB-17	UFRB-60	UFRB-93	UFRB-140	UFRB-197	UFRB-230	UFRB-265
UFRB-19	UFRB-61	UFRB-95	UFRB-141	UFRB-198	UFRB-231	
UFRB-20	UFRB-62	UFRB-96	UFRB-143	UFRB-199	UFRB-232	
UFRB-22	UFRB-63	UFRB-97	UFRB-145	UFRB-201	UFRB-233	
UFRB-23	UFRB-66	UFRB-102	UFRB-146	UFRB-202	UFRB-235	
UFRB-25	UFRB-67	UFRB-108	UFRB-147	UFRB-203	UFRB-236	
UFRB-26	UFRB-68	UFRB-109	UFRB-148	UFRB-204	UFRB-237	
UFRB-29	UFRB-69	UFRB-111	UFRB-149	UFRB-205	UFRB-238	
UFRB-31	UFRB-70	UFRB-113	UFRB-151	UFRB-206	UFRB-240	
UFRB-32	UFRB-71	UFRB-114	UFRB-152	UFRB-207	UFRB-241	
UFRB-33	UFRB-72	UFRB-116	UFRB-153	UFRB-208	UFRB-242	
UFRB-34	UFRB-73	UFRB-117	UFRB-169	UFRB-209	UFRB-244	
UFRB-35	UFRB-74	UFRB-118	UFRB-170	UFRB-210	UFRB-245	
UFRB-38	UFRB-75	UFRB-119	UFRB-173	UFRB-211	UFRB-246	
UFRB-39	UFRB-76	UFRB-121	UFRB-176	UFRB-212	UFRB-247	
UFRB-40	UFRB-77	UFRB-122	UFRB-177	UFRB-213	UFRB-248	

A Adubação foi realizada de acordo com análise química do solo e exigência da cultura, conforme o Manual de adubação e calagem para o Estado da Bahia. Na época do plantio a adubação de plantio com P_2O_5 foi de

100 gramas por cova. A fonte de fosfato foi o superfosfato simples composto em média por 18% de pentóxido de fósforo P_2O_5 , 16% de Cálcio e 8% de Enxofre. A adubação de cobertura foi realizada aos 30 e 60 dias após o plantio com 20g de ureia e 10g de cloreto de potássio por planta.

Variáveis utilizadas nas análises relativas à tolerância ao déficit hídrico

- Altura de planta (ALT) (m) - Determinada com auxílio de régua graduada em centímetros do colo da planta até a inserção do meristema apical;
- Número de racemos emitidos (NRE) - Quantificação dos racemos emitidos por planta;
- Produtividade (PROD) ($kg\ ha^{-1}$) - Calculado a partir da estimativa para cada planta;
- Tolerância ao estresse hídrico - Foi considerada a safra de 2011 como o ano de condição adequada para o cultivo da mamona (Y_p) e a safra de 2012 como ano de ocorrência de estresse (Y_s) as variáveis foram submetidas aos seguintes índices para avaliar a tolerância ao estresse:
- Produtividade geométrica média (GMP) - (FERNANDEZ,1992).

$$GMP = (Y_p \times Y_s)^{0,5} \quad \text{Eq. (1)}$$

em que,

GMP = Produtividade geométrica média; Y_p = Ano de condição adequada para o cultivo de mamona; Y_s = Ano de ocorrência de estresse.

- Índice de tolerância ao estresse hídrico (DTI) - (FERNANDEZ,1992).

$$DTI = \frac{(Y_p \times Y_s)}{(\bar{Y}_p)^2} \quad \text{Eq. (2)}$$

em que,

DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico;

Y_p = Ano de condição adequada para o cultivo de mamona;

Y_s = Ano de ocorrência de estresse.

- Produtividade média - (ROSIELLE; HAMBLIN, 1981).

$$MP = \frac{(Y_p + Y_s)}{2} \quad \text{Eq. (3)}$$

em que,

MP = Produtividade média;

Y_p = Ano de condição adequada para o cultivo de mamona;

Y_s = Ano de ocorrência de estresse.

- Susceptibilidade (SUS) - (HOSSAIN et. al, 1990).

$$SUS = Y_p - Y_s \quad \text{Eq. (4)}$$

- Índice de susceptibilidade ao estresse (DSI) - (FISCHER; MAURER, 1978)

$$DSI = \frac{1 - \frac{Y_s}{Y_p}}{1 - SI}, \text{ onde } SI = 1 - \frac{\bar{Y}_s}{\bar{Y}_p} \quad \text{Eq. (5)}$$

em que,

Índice de susceptibilidade ao estresse (DSI);

Y_p = Ano de condição adequada para o cultivo de mamona;

Y_s = Ano de ocorrência de estresse.

- Índice de estabilidade da produção (YSI) - (BOUSLAMA; SCHAPAUGH, 1984)

$$YSI = \frac{Y_s}{Y_p} \quad \text{Eq. (6)}$$

em que,

Índice de estabilidade da produção (YSI);

Y_p = Ano de condição adequada para o cultivo de mamona;

Y_s = Ano de ocorrência de estresse.

Análise estatística

As variáveis foram submetidas à análise de variância (ANOVA) e as médias anuais das variáveis estudadas foram comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$) utilizando-se o pacote *easynova* (ARNHOLD, 2013). Os dados referentes aos índices de tolerância ao estresse, assim como Y_p e Y_s de cada variável foram submetidos à análise de correlação de *Pearson*, de

agrupamento e de componentes principais utilizando-se os pacotes *corrgram* (KEVIN, 2018) e *factoextra* (KASSAMBRA; MUNDT, 2017), respectivamente. Para a definição do número de grupos foi realizado um agrupamento não hierárquico *k-means* de forma a minimizar a distância dos elementos a um conjunto k centros dado por $\chi = \{x_1, x_2, \dots, x_k\}$ de forma iterativa. A distância de um ponto p a um conjunto de clusters, dada por $d(p_i, \chi)$, é definida como sendo a distância do ponto ao centro mais próximo dele. A função a ser minimizada então, é dada pela seguinte equação (7):

$$d(P, \chi) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d(p_i, \chi)^2 \quad \text{Eq. (7)}$$

As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R CORE TEAM, 2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de variância para as variáveis altura de planta (ALT), número de racemos emitidos (NRE) e produtividade (PROD) de linhagens de mamoneira nas safras agrícolas de 2011 e 2012 encontra-se na Tabela 3. Observa-se que houve diferença significativa ($p < 0,01$) entre os genótipos e períodos para todas as variáveis avaliadas. Na comparação de médias das variáveis entre os dois períodos de cultivo é possível observar redução significativa de todas as variáveis ($p < 0,05$). Em relação a interação genótipo x safra, apenas a PROD não apresentou diferença estatisticamente significativa.

Tabela 3. Resumo da análise de variância para altura de planta (ALT), número de racemos emitidos (NRE) e produtividade (PROD) de linhagens de mamoneira

FV	GL	Quadrado médio		
		ALT	NRE	PROD
GEN	194	4436,27**	24,19**	154006,40**
SAFRA	1	5533147,85**	12400,38**	95541633,86**
BLOCOS	3	68264,03**	69,71**	2516998,26**
GEN*SAFRA	194	3373,53*	16,44**	90045,91 ^{ns}
Erro	1167	2683,07	12,377	111958,97
Total	1559			
CV (%)		36,28	60,15	61,39
Safra		Valores médios		
2011		202,33 a	9,00 a	792,55 a
2012		83,22 b	3,00 b	297,60 b
Redução (%)		58,9	66,6	62,4

FV = Fonte de variação; GL = Grau de liberdade; CV = Coeficiente de variação; GEN = Genótipo; ^{ns} = Não significativo pelo teste F; * = Significativo a ($p < 0,05$) pelo teste F; ** = Significativo a ($p < 0,01$) pelo teste F. ALT = Altura da planta (cm); NRE = Número de racemos emitidos; PROD = Produtividade (Kg ha⁻¹).

Análise de correlação

Em relação à análise de correlação (Tabela 4) entre os índices de tolerância ao déficit hídrico e os valores de ALT, NRE e PROD nas duas safras, foi observado para todas as variáveis uma baixa correlação entre Y_p e Y_s , mostrando, portanto, que Y_p não é um bom indicador para prever o

comportamento destas variáveis sob condições de estresse hídrico. GMP, DTI e MP apresentaram alta correlação com Y_p e Y_s em todas as variáveis avaliadas. Por outro lado, SUS e DSI apresentaram correlação positiva com Y_p e negativa com Y_s , indicando que linhagens com menores valores destes índices sob condições de estresse hídrico são mais tolerantes. YSI se correlacionou positivamente com Y_s o que indica que linhagens com maiores valores deste índice são mais tolerantes quando submetidas ao déficit hídrico. Em todos os tratamentos, a correlação entre os índices de tolerância mostrou uma forte correlação positiva entre MP, GMP e DTI (0,948 a 0,996) e entre SUS e DSI (0,820 a 0,90), enquanto uma forte correlação negativa foi observada entre SUS e YSI (-0,820 a -0,900) e DSI e YSI (-1,000). Considerando estudos relacionados com os índices de tolerância ao déficit hídrico, estes resultados corroboram com os reportados por Mau et al. (2019) na cultura do arroz, Bellague et al. (2016) em alfafa, Dorostkar et al. (2016) em cevada, e Oliveira et al. (2017) em mandioca.

Os índices MP, DTI e GMP estão associados ao maior valor da característica agronômica, independentemente da tolerância ao estresse hídrico. Podem ser usados para detectar genótipos com baixa demanda de água e/ou que sofrem menor redução de rendimento por falta de água durante seu período de crescimento, sendo indicado o cultivo dos mesmos em regiões com recursos hídricos limitados, a fim de aumentar a área cultivada e a eficiência da produção. Em contrapartida, YSI, SUS e DSI estão associados à tolerância ao estresse hídrico, independentemente da produção dos genótipos (FARD; SEDAGHAT, 2013; OLIVEIRA et al., 2017).

Tabela 4. Correlação de Pearson entre os caracteres avaliados e os índices de tolerância à seca de linhagens de mamoneira

ALT								
	Yp	Ys	GMP	DTI	MP	SUS	DSI	YSI
Yp	1							
Ys	0,392	1						
GMP	0,807	0,857	1					
DTI	0,805	0,854	0,996	1				
MP	0,911	0,736	0,978	0,975	1			
SUS	0,805	-0,230	0,301	0,301	0,489	1		
DSI	0,483	-0,605	-0,113	-0,110	0,084	0,900	1	
YSI	-0,483	0,605	0,113	0,110	-0,084	-0,900	-1	1

NRE								
	Yp	Ys	GMP	DTI	MP	SUS	DSI	YSI
Yp	1							
Ys	0,336	1						
GMP	0,833	0,794	1					
DTI	0,821	0,785	0,985	1				
MP	0,941	0,635	0,969	0,955	1			
SUS	0,900	-0,109	0,511	0,502	0,699	1		
DSI	0,541	-0,537	0,056	0,050	0,251	0,820	1	
YSI	-0,541	0,537	-0,056	-0,050	-0,251	-0,820	-1	1

PROD								
	Yp	Ys	GMP	DTI	MP	SUS	DSI	YSI
Yp	1							
Ys	0,247	1						
GMP	0,727	0,838	1					
DTI	0,732	0,820	0,985	1				
MP	0,896	0,651	0,953	0,948	1			
SUS	0,834	-0,329	0,231	0,246	0,502	1		
DSI	0,466	-0,691	-0,213	-0,198	0,049	0,848	1	
YSI	-0,466	0,691	0,213	0,198	-0,049	-0,848	-1,000	1

ALT = Altura da planta (cm); NRE = Número de racemos emitidos; PROD = Produtividade (kg ha⁻¹); Yp = Valor do caractere na safra agrícola 2011; Ys = Valor do caractere na safra agrícola 2012; GMP = Produtividade geométrica média; DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico; MP = Produtividade média; SUS = Susceptibilidade; DSI = Índice de susceptibilidade ao estresse; YSI = Índice de estabilidade da produção.

Análise de agrupamento e componentes principais

A análise de componentes principais (PCA) foi realizada considerando os valores dos tratamentos agronômicos em ambas as safras e os índices de tolerância, sendo submetidos à análise biplot para obtenção da relação entre esses índices e as linhagens de mamoneira (Tabela 5).

Tabela 5. Análise de componentes principais de caracteres agrônômicos de linhagens de mamoneira em duas safras agrícolas, 2011 e 2012

Variável		ALT		NRE		PROD	
Componente		PC1	PC2	PC1	PC2	PC1	PC2
Autovalores		4,542	3,428	4,853	3,004	4,313	3,569
Variância (%)		56,773	42,855	60,668	37,548	53,910	44,617
Variância acumulada (%)		56,773	99,628	60,668	98,216	53,910	98,528
Correlação com os componentes	Yp	0,938	-0,343	0,985	-0,126	0,842	0,530
	Ys	0,685	0,727	0,466	0,874	0,729	-0,675
	GMP	0,961	0,271	0,906	0,416	0,980	-0,173
	DTI	0,960	0,269	0,897	0,418	0,978	-0,156
	MP	0,997	0,074	0,975	0,211	0,993	0,106
	SUS	0,550	-0,831	0,824	-0,538	0,405	0,902
	DSI	0,158	-0,985	0,455	-0,878	-0,051	0,988
	YSI	-0,158	0,985	-0,454	0,878	0,052	-0,989

ALT = Altura da planta (cm); NRE = Número de racemos emitidos; PROD = Produtividade (t ha⁻¹); Yp = Valor do caractere na safra agrícola 2011; Ys = Valor do caractere na safra agrícola 2012; GMP = Produtividade geométrica média; DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico; MP = Produtividade média; SUS = Susceptibilidade; DSI = Índice de susceptibilidade ao estresse; YSI = Índice de estabilidade da produção; PC1 = Primeiro componente principal; PC2 = Segundo componente principal.

Considerando a variável ALT observa-se que os dois primeiros componentes principais explicaram 99,628 % da variância. O PC1 explicou 56,773% da variação e alta correlação positiva com Yp, GMP, DTI, MP, moderada com SUS e baixa com DSI e YSI (Tabela 5 e Figura 2A). Este resultado indica que as linhagens com altos valores positivos no PC1 tendem a possuir maior estatura de planta, tanto em ambientes irrigados, quanto sob déficit hídrico. O PC2 registrou 42,855% da explicação variância total e foi registrada alta correlação positiva entre Ys e YSI e negativa entre SUS e DSI (Tabela 5 e Figura 2A). Assim, linhagens com alto valor neste componente são mais tolerantes sob condições de déficit hídrico.

A partir destes resultados e da análise de agrupamento observa-se que as linhagens do grupo 1, principalmente UFRB-205, UFRB-193, UFRB-199, UFRB-188, UFRB-7 e UFRB-5, são as que mais possuem estabilidade na altura, tanto em condições de produção normais, quanto sob condições de déficit hídrico. No entanto, considerando a tolerância sob condições de déficit, o grupo 4 foi o mais tolerante, principalmente as linhagens UFRB-60, UFRB-249, UFRB-62, UFRB-224, UFRB-67 e UFRB-250. Em contrapartida o grupo 2

mostrou-se como mais sensível, sobretudo as linhagens UFRB-128, UFRB-225, UFRB-33, UFRB-121, UFRB-195 e UFRB-35 (Figura 2A e 2B). Em estudo conduzido por Carvalho et al. (2019) também foi observada variabilidade na altura da mamoneira submetida ao déficit hídrico sendo reportada maior tolerância da cultivar ‘BRS Energia’ em comparação a ‘BRS-188 PARAGUAÇU’.

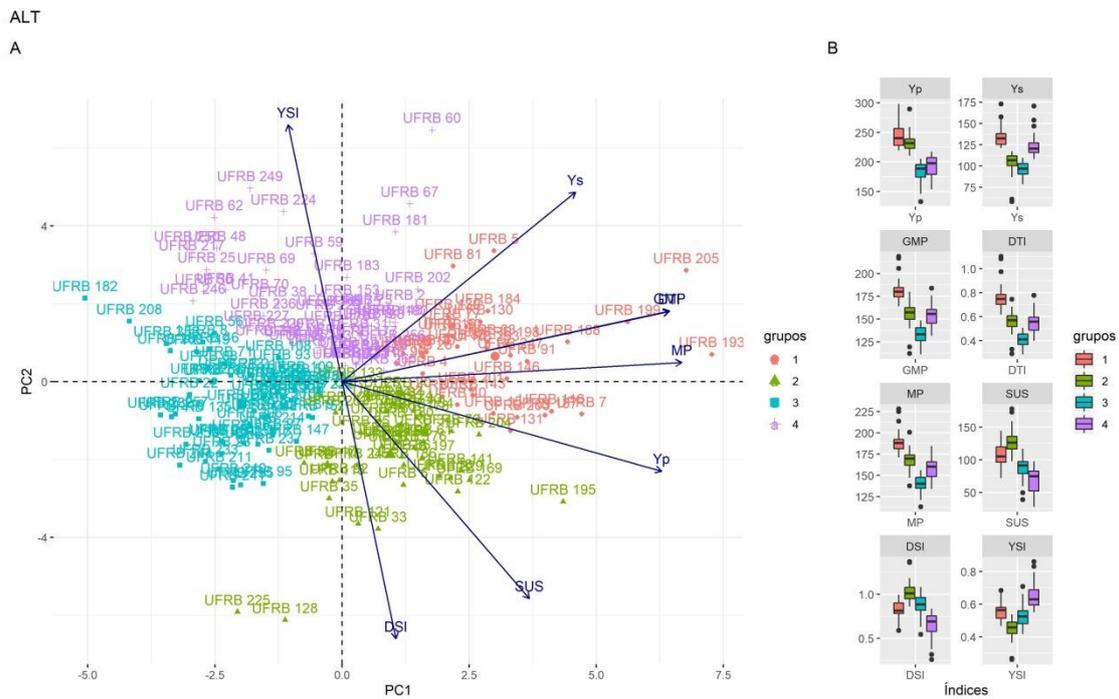


Figura 2. (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para a altura (ALT) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot da ALT (Yp e Ys) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção

Os dois primeiros componentes principais explicaram 98,216% da variação observada no NRE. O PC1 explicou 60,668% da variação total observada. Este componente apresentou alta correlação positiva com Yp, GMP, DTI, MP e SUS. O segundo componente principal registrou 37,548% da variância total, alta correlação positiva Yp e YSI e negativa com SUS (moderada) e DSI (muito forte) (Tabela 6 e Figura 3A). A partir destes

resultados e avaliando-se o agrupamento observa-se que os grupos 1 e 4 apresentaram os maiores de GMP, DTI e MP e, portanto, as linhagens destes grupos, especialmente UFRB-74, UFRB-210, UFRB-62 e UFRB-256, tendem a possuir maior estabilidade no NRE em ambas as condições de cultivo. Em contrapartida, o grupo 1 registrou os maiores valores de SUS e DSI e os menores de YSI, sendo considerado o mais sensível sob condições de déficit hídrico severo.

Considerando esta mesma condição, o grupo 3 foi o mais tolerante (menores valores de SUS e DSI e maiores valores de YSI) com destaque para as linhagens UFRB 130, UFRB 183, UFRB 236, UFRB 223, UFRB 45 e UFRB 181(Figura 3A e 3B).

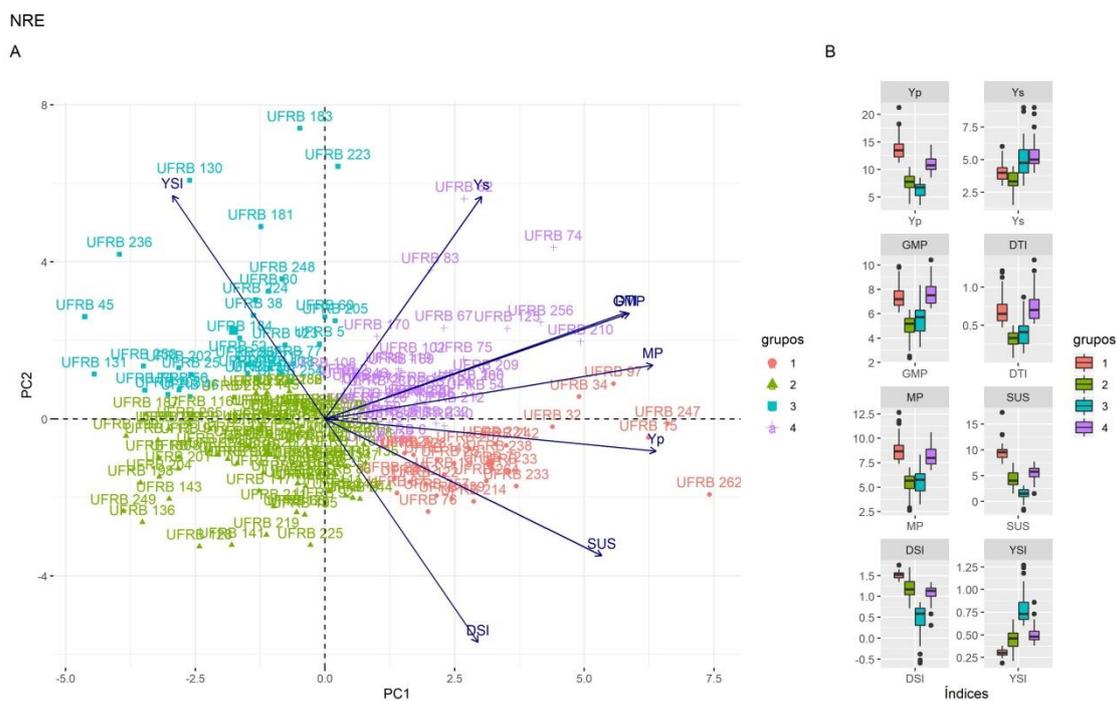


Figura 3. (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para o número de ramos emitidos (NRE) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot do NRE (Yp e Ys) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção

Para PROD os dois primeiros componentes principais explicaram 98,528% da variação total encontrada. PC1 registrou 53,910% da variação total e alta correlação positiva com Yp, Ys, GMP, DTI e MP. O PC2 explicou 44,617

% da variação total e apresentou alta correlação positiva com SUS e DTI, e negativa com YSI (Tabela 5 e Figura 4A). Os grupos 1 e 4 registraram os maiores valores de GMP, DTI e MP, portanto, as linhagens destes grupos, principalmente UFRB-15, UFRB-205, UFRB-224, UFRB-60 e UFRB-221, possuem maior estabilidade da produção sob condições normais de cultivo e de déficit hídrico moderado. Os grupos 1 e 2 foram considerados como susceptíveis ao déficit hídrico (maiores valores de SUS e DSI e menores valores de YSI). Os grupos 3 e 4 registraram os menores valores de SUS e DSI e os maiores de YSI sendo considerados os mais tolerantes ao déficit hídrico com destaque para as linhagens UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 e UFRB-130 (Figura 4A e 4B). Em estudos conduzidos com outras culturas também foi observada variabilidade na tolerância ao déficit hídrico como nas culturas da mandioca (OLIVEIRA et al., 2017), milho (BARUTCULAR et al., 2016) e do girassol (GHOLINEZHAD et al., 2014).

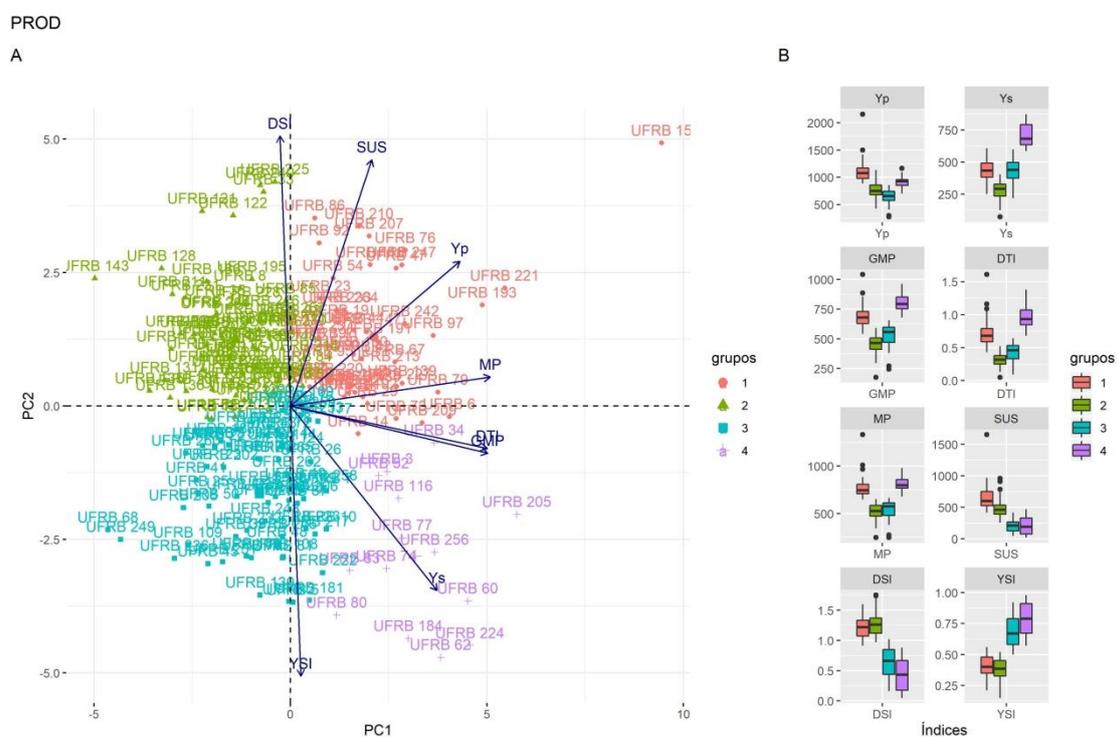


Figura 4. (A): Análise de componentes principais e de agrupamento de 195 linhagens avançadas de mamoneira para a produtividade (PROD) e os índices de tolerância à seca. (B): Boxplot da PROD (Yp e Ys) e dos valores dos índices de tolerância de cada grupo. GMP - Produtividade média geométrica; DTI - Índice de tolerância à seca, MP - Média geométrica; SUS - Susceptibilidade; DSI - Índice de susceptibilidade à seca; YSI - Índice de estabilidade da produção

CONCLUSÃO

- As linhagens UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 e UFRB-130 foram consideradas as mais tolerantes ao déficit hídrico;
- As linhagens UFRB-225, UFRB-240, UFRB-33, UFRB-121 e UFRB-122 foram consideradas as mais sensíveis ao déficit hídrico;
- O índices de tolerância ao déficit hídrico foram eficientes na pré-seleção de linhagens de mamoneira tolerantes ao déficit hídrico.

REFERÊNCIAS

- ALI , M. B.; EL-SADEK, A. N. Evaluation of drought tolerance indices for wheat (*Triticum aestivum* L.) under irrigated and rainfed conditions. **Communications in Biometry and Crop Science**, v.11, n.1, p.77-89, 2016.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Koppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22: p.711-728, 2013.
- ANSARI, W. A.; ATRI, N.; AHMAD, J.; QURESHI, M. I.; SINGH, B., KUMAR, R. Drought mediated physiological and molecular changes in muskmelon (*Cucumis melo* L.). **PloS one**, v.14, n.9, 2019.
- ASSAHA, D. V. M.; LIU, L; UEDA, A.; NAGAOKA, T; SANEOKA, H..Effects of drought stress on growth, solute accumulation and membrane stability of leafy vegetable, huckleberry (*Solanum scabrum* Mill.). **Journal of environmental biology**, v.37, p.107-114, 2016.
- BARUTCULAR, C.; SABAGH, A. E.; KONUSKAN, O.; SANEOKA, H.; YOLDASH, K. M. Evaluation of maize hybrids to terminal drought stress tolerance by defining drought indices. **Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences**, v.4, n.6, p.610-616, 2016.
- BELLAGUE, D.; M'HAMMEDI-BOUZINA, M.; ABDELGUERFI, A. Measuring the performance of perennial alfalfa with drought tolerance indices. **Chilean journal of agricultural research**, v.76, n.3, p.273-284, 2016.
- BOUSLAMA, M.; SCHAPAUGH, W. T. Stress tolerance in soybeans. I. Evaluation of three screening techniques for heat and drought tolerance 1. **Crop science**, v.24, n.5, p.933-937, 1984.
- DALBERTO, D. S.; MARTINAZZO, E. G.; BACARIN, M. A. Chlorophyll a fluorescence reveals adaptation strategies in drought stress in *Ricinus communis*. **Brazilian Journal of Botany**, v.40, n.4, p.861-870, 2017.
- DOROSTKAR, S.; PAKNYIAT, H.; AHMADI, K. M.; GHORBANI, R.; ALIAKBARI, M.; SOBHANIAN, N. Evaluation of several drought tolerance criteria in cultivated varieties of barley (*Hordeum vulgare* L.) and Their Relationships with Yield Reduction. **Science Research**, v.4, n.2, p.26-32, 2016.
- EL-HASHASH, E. F.; AGWA, A. M. Genetic parameters and stress tolerance index for quantitative traits in barley under different drought stress severities. **Asian Journal of Research in Crop Science**, v.1, n.1, p.1-16, 2018
- FARD, A.; SEDAGHAT, S. Evaluation of drought tolerance indices in bread wheat recombinant inbred lines. **European Journal of Experimental Biology**, v.3, n.2, p.201-204, 2013.
- FERNANDEZ, G. C. J. Effective selection criteria for assessing plant stress

tolerance. In: **Proceeding of the International Symposium on Adaptation of Vegetables and other Food Crops in Temperature and Water Stress**, Aug. 13-16, Shanhua, Taiwan, 1992. p.257-270.

FISCHER, R. A.; MAURER, R. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.29, n.5, p.897-912, 1978.

GHOLINEZHAD, E.; DARVISHZADEH, R.; BERNOUSI, I. Evaluation of drought tolerance indices for selection of confectionery sunflower (*Helianthus annuus* L.) landraces under various environmental conditions. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v.42, n.1, p.187-201, 2014.

HOSSAIN A. B. S.; SEARS A. G.; COX T. S.; PAULSEN G.M. Desiccation tolerance and its relationship to assimilate partitioning in winter wheat. **Crop Science**, v.30, n.3, p.622–627, 1990.

JIANG, Y.; HUANG, B.. Effects of drought or heat stress alone and in combination on Kentucky bluegrass. **Crop Science**, v.40, n.5, p.1358-1362, 2000.

KEVIN, W. (2018). **corrgram: Plot a Correlogram**. R package version 1.13. <https://CRAN.R-project.org/package=corrgram>

KHALILI, M.; POUR-ABOUGHADAREH, A.; NAGHAVI, M. R. Assessment of drought tolerance in barley: integrated selection criterion and drought tolerance indices. **Environmental & Experimental Biology**, v.14, n.1, p.33-41, 2016.

KIRIGWI, F. M., VAN GINKEL, M., TRETOWAN, R., SEARS, R. G., RAJARAM, S.; PAULSEN; G. M Evaluation of selection strategies for wheat adaptation across water regimes. **Euphytica**, v.135, n.3, p.361-371; 2004.

MAU, Y. S.; NDIWA, A. S.; OEMATAN, S. S.; MARKUS, J. E. Drought tolerance indices for selection of drought tolerant, high yielding upland rice genotypes. **Australian Journal of Crop Science**, v.13, n.1, p.170-178, 2019.

MARENCO, J. A.; TORRES, R. R.; ALVES, L. M. Drought in Northeast Brazil—past, present, and future. **Theoretical and Applied Climatology**, v.29, n., p.1189-1200, 2017.

MOHAMMADI, R. Efficiency of yield-based drought tolerance indices to identify tolerant genotypes in durum wheat. **Euphytica**, v.211, n.1, p.71-89, 2016.

OLIVEIRA, E. J DE.; MORGANTE, C. V.; DE TARSO AIDAR, S.; DE MELO CHAVES, A. R.; ANTONIO, R. P.; CRUZ, J. L.; COELHO FILHO, M. A. Evaluation of cassava germplasm for drought tolerance under field conditions. **Euphytica**, v.213, n.8, p.188, 2017.

OZTURK, I.; KORKUT, K. Z. Evaluation of drought tolerance indices and relation with yield in bread wheat genotypes under drought stress

conditions. **Agriculture and Food**, v.6, p.359-367, 2018.

R CORE TEAM (2023). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing, Vienna**, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

RICHARDS, R. A. Defining selection criteria to improve yield under drought, In: E. Belhassen, (ed.) **Drought Tolerance in Higher Plants: Genetical, Physiological and Molecular Biological Analysis**. p.79-88, 1996.

ROSIELLE A. A.; HAMBLIN, J. Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. **Crop Science.**, v.21, n.6, p.943–946, 1981.

SANTOS, H. G dos.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C do.; OLIVEIRA, V. A.; LUMBRERAS, J. F., COELHO, M. R.; CUNHA, T. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 530 p.

SAUSEN, T. L.; ROSA, L. M. G. Growth and carbon assimilation limitations in *Ricinus communis* (Euphorbiaceae) under soil water stress conditions. **Acta Botanica Brasilica**, v.24, n.3, p.648-654, 2010.

TARDIEU, F.; PARENT, B.; CALDEIRA, C. F.; WELCKER, C. Genetic and physiological controls of growth under water deficit. **Plant Physiology**, v.164, n.4, p.1628-1635, 2014.

WITT, T. W.; FLYNN, K. C.; ZOZ, T.; LEE, T. O.; MONTEIRO, J. E. A site suitability analysis for castor (*Ricinus communis* L.) production during Brazil's second harvest incorporating disease prediction. **Heliyon**, v.9, n.8, 2023.

WEHNER, G.; BALKO, C.; HUMBECK, K.; ZYPRIAN, E.; ORDON, F. Expression profiling of genes involved in drought stress and leaf senescence in juvenile barley. **BMC plant biology**, v.16, n.1, p.1-12, 2016.

ARTIGO 2

CARACTERIZAÇÃO BIOMÉTRICA E ARQUITETURA RADICULAR INICIAL DE GENÓTIPOS DE *Ricinus communis* L. EM AMBIENTE PROTEGIDO

Caracterização biométrica e arquitetura radicular inicial de genótipos de *Ricinus communis* L. em ambiente protegido

Resumo: As raízes das plantas desempenham um papel significativo no crescimento das plantas, explorando os recursos do solo por meio da absorção de água e nutrientes. Características da raiz, como diâmetro, comprimento específico, área específica, ângulo e densidade do comprimento são consideradas úteis para melhorar a produtividade da planta em condições de seca. O objetivo desse trabalho será avaliar a biometria e a arquitetura radicular de genótipos de mamoneira. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e as análises no laboratório de ecofisiologia da Embrapa Mandioca e Fruticultura, situados no município de Cruz das Almas-BA. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado sendo 34 genótipos (29 linhagens avançadas e cinco parentais) com quatro repetições. Foram avaliadas as seguintes variáveis: altura de planta, área foliar, número de folhas, massa fresca da parte aérea, massa seca foliar, massa seca do caule, massa seca da parte aérea, massa seca da raiz, relação raiz/parte aérea, comprimento radicular total; comprimento específico de raiz, e comprimento por diâmetro radicular. Foi observado que os genótipos apresentaram divergências genética para as variáveis avaliadas. O genótipo UFRB-11 obteve o maior valor em relação à altura, enquanto os genótipos UFRB-181, UFRB-250 e UFRB-178 apresentaram os maiores valores de MSPA, indicando uma maior produtividade nessas variáveis. Por outro lado, os genótipos UFRB-256, NORDESTINA e UFRB-222 apresentaram os maiores valores de LTOTAL e LC1. É importante destacar que LTOTAL e LC1 apresentaram uma correlação positiva com a produtividade de genótipos de mamoneira sob condições de estresse hídrico. Isso sugere que essas características podem ser utilizadas na seleção de cultivares e linhagens mais tolerantes à escassez de água.

Palavras-chave: fenotipagem de raiz, rizosfera, *scanner*.

Biometric characterization and initial root architecture of *Ricinus communis* L. genotypes in greenhouse

Abstract: The roots of plants play a significant role in plant growth, exploring soil resources through the absorption of water and nutrients. Root characteristics such as diameter, specific length, specific area, angle, and length density are considered useful traits for improving plant productivity under drought conditions. The objective of this study was to evaluate the biometrics and root architecture of castor bean genotypes. The experiment was conducted in a greenhouse at the Federal University of Recôncavo da Bahia, and the analyses were carried out in the ecophysiology laboratory of Embrapa Mandioca e Fruticultura, located in Cruz das Almas, Bahia, Brazil. The experimental design was completely randomized, with 34 genotypes (29 lines and five parents) and four replications. The following variables were evaluated: plant height, leaf area, number of leaves, fresh shoot mass, leaf dry mass, stem dry mass, above-ground dry mass, root dry mass, root-to-shoot ratio, total root length, specific root length, and root length per root diameter. It was observed that the genotypes showed genetic variations for the evaluated variables. Genotype UFRB-11 had the highest value for plant height. Genotypes UFRB-181, UFRB-250, and UFRB-178 exhibited the highest values of above-ground dry mass, indicating greater productivity in these traits. On the other hand, genotypes UFRB-256, NORDESTINA, and UFRB-222 had the highest values of total root length and length of the thickest root class (LC1). It is important to highlight that total root length and LC1 showed a positive correlation with castor bean genotype productivity under water stress conditions. This suggests that these characteristics can be used in the selection of cultivars and lines that are more tolerant to water scarcity.

Keywords: root phenotyping, rhizosphere, *scanner*,

INTRODUÇÃO

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma oleaginosa com alto valor industrial, devido às propriedades químicas do óleo de sua semente, que é utilizado como lubrificante em aviões, na fabricação de tintas de impressão, vernizes, papel transparente e plastificante (OLIVEIRA NETO et al., 2022). O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de mamona, tendo em 2022 apresentado a terceira maior produção com 35.195 toneladas (FAO, 2023).

As plantas, frequentemente, são submetidas a condições desfavoráveis, como estresses abióticos, que desempenham um papel importante na determinação de sua produção e distribuição das diferentes espécies vegetais em ambientes distintos. Os principais estresses abióticos como escassez de água disponível, temperaturas extremas, deficiência de nutrientes no solo e/ou aumento de íons tóxicos, alta intensidade luminosa e salinidade limitam a sobrevivência, a produtividade e a produção de biomassa das culturas em até 70% (KHALID et al., 2019).

Reynolds e Langridge (2016) afirmam que várias etapas cruciais são necessárias para incrementar a tolerância das culturas aos estresses abióticos; dentre elas, o melhoramento baseado em características e o "projeto do ideótipo da cultura" são os primeiros a serem considerados. Os programas de melhoramento têm se concentrado, principalmente, em características relacionadas a parte aérea das plantas, deixando a importância do sistema radicular em segundo plano (ALAHMAD et al., 2019).

O sistema radicular desempenha um papel importante na absorção de água e minerais, e na síntese de vários compostos essenciais para o crescimento da parte aérea (NGUYEN et al., 2020). As raízes possuem uma grande capacidade de adaptação ao ambiente e apresentam alta plasticidade de desenvolvimento. A forma como as raízes se organizam no espaço e no tempo é denominada de arquitetura do sistema radicular (ASR) (KARLOVA et al., 2021). A análise da ASR das culturas pode fornecer informações importantes sobre a base genética das características radiculares relacionadas à tolerância ao estresse abiótico (KOEVOETS et al., 2016).

Considerando que existem poucos estudos relacionados a ASR da cultura da mamona e que esse conhecimento pode ser utilizado para

desenvolver novas estratégias de melhoramento desta cultura a fim de aumentar a tolerância aos estresses abióticos, o objetivo deste estudo foi avaliar o crescimento inicial e a arquitetura radicular de genótipos de mamoneira.

MATERIAL E MÉTODOS

Localização e descrição da área de estudo

O estudo foi conduzido em casa de vegetação, do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas pertencente à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Campus de Cruz das Almas, Bahia, com coordenadas geográficas 12°40'19"S, 40°06'22" W; 225 m, no período de setembro de 2022 a dezembro de 2022. O clima da região é classificado como tropical úmido (Af), segundo a classificação de Köppen, com ocorrência de precipitação em quase todos os meses do ano (ALVARES et al., 2014; PEREIRA et al., 2021).

Delineamento experimental

O delineamento adotado foi o inteiramente casualizado (DIC), com 34 genótipos (29 linhagens avançadas e cinco parentais) com quatro repetições, totalizando 136 unidades experimentais.

Material vegetal

A partir dos resultados do capítulo anterior, foram avaliados 34 genótipos, sendo 29 linhagens provenientes do programa de melhoramento genético do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia-NBIO/UFRB e cinco parentais (PARAGUAÇU, SIPEAL-28, MIRANTE, MPA-17 e NORDESTINA), conforme a tabela 1.

Tabela 1. Identificação das linhagens avançadas e parentais de mamoneira utilizados no experimento

SIGLA	GENÓTIPO	SIGLA	GENÓTIPO
1	UFRB-17	18	UFRB-178
2	UFRB-46	19	UFRB-180
3	UFRB-47	20	UFRB-181
4	UFRB-62	21	UFRB-186
5	UFRB-74	22	UFRB-188
6	UFRB-86	23	UFRB-208
7	UFRB-91	24	UFRB-222
8	UFRB-97	25	UFRB-228
9	UFRB-109	26	UFRB-247
10	UFRB-111	27	UFRB-250
11	UFRB-121	28	UFRB-254
12	UFRB-124	29	UFRB-256
13	UFRB-130	30	PARAGUAÇU
14	UFRB-133	31	SIPEAL
15	UFRB-140	32	MIRANTE
16	UFRB-145	33	MPA
17	UFRB-160	34	NORDESTINA

Condução experimental

As mudas foram produzidas em copos descartáveis de 200 cm³ de capacidade com substrato (plantmax). Após 15 DAG (dias após a germinação) foram transplantadas para um tubo de PVC com 0,3 m de altura e 0,075 m de diâmetro contendo areia lavada e esterilizada, com capacidade máxima de retenção de água no tubo (0,15 cm³ cm⁻³). As irrigações corresponderam à aproximadamente um volume de 50 ml de solução nutritiva (HOAGLAND; ARNON, 1950), permitindo drenagem de pelo menos 10% da solução. As plantas foram avaliadas durante trinta dias após o transplante até serem colhidas para realização da análise da arquitetura radicular.

Variáveis avaliadas

Biometria e biomassa da parte aérea e da raiz

Durante a condução do experimento, durante 30 dias foram avaliadas características biométricas e na ocasião da colheita, as de produção conforme descrito na tabela 2.

Arquitetura radicular

O ensaio foi colhido aos 30 dias após o transplante. Para as análises do

sistema radicular foram coletadas plantas inteiras (sistema radicular e parte aérea). Os blocos de solo contendo a planta inteira foram transportados imediatamente para o Laboratório de Solos pertencente a Universidade Federal do Recôncavo da Bahia em sacos de papel devidamente identificados.

As amostras foram submergidas em bacias contendo água destilada, por 30 minutos. Esse procedimento teve por objetivo facilitar o processo de lavagem das raízes, que foi realizado utilizando-se um jato de água, até que os sistemas radiculares das plântulas ficassem livres de partículas de solo. Para evitar perda de material durante esse procedimento, foi utilizado um conjunto de peneiras de 20 e 60 Mesh. Após o processo de lavagem, as plantas foram separadas em sistema radicular e parte aérea, na altura do coleto. As raízes lavadas foram armazenadas em refrigerador em sacos plásticos contendo solução de etanol 70% na concentração de 30:70 (álcool:água), para evitar sua desidratação.

Para a análise da morfologia do sistema radicular utilizou-se o sistema WinRHIZO Pro, acoplado a um scanner profissional Epson XL 10000 equipado com unidade de luz adicional (TPU). Foi utilizada uma definição de 400 (dpi) para as medidas de morfologia de raiz, como descrito por Costa et al. (2002). As raízes foram dispostas em uma cuba de acrílico de 20 cm de largura por 30 cm de comprimento contendo água, sendo as leituras realizadas em quatro plantas por genótipo. As características da arquitetura radicular avaliadas estão descritas na tabela 2.

Tabela 2 - Variáveis avaliadas durante o experimento de parentais e linhagens avançadas de mamoneira.

Características	Descrição	Unidade
<i>Variáveis biométricas</i>		
ALT	Determinada com auxílio de régua graduada em centímetros do colo da planta até a inserção do meristema apical.	cm
AF	As folhas serão medidas com régua graduada e a área foliar será calculada por meio da seguinte equação: $S=0,1515 \times (C+L)^2$, em que: C = comprimento da folha e L= largura da folha (SEVERINO et al., 2004),	cm ²
Variáveis avaliadas por meio de balança analítica		
MFPA	Massa fresca da parte aérea	g
MSF	Massa seca foliar	g
MSC	Massa seca do caule	g
MSR	Massa seca da raiz	g

<i>Características avaliadas por meio do software, WinRHIZO Pro 2013</i>		
LTOTAL	Comprimento total de raiz	cm
LC1	Comprimento de raiz classe de diâmetro (0-1 mm)	cm
LC2	Comprimento de raiz classe de diâmetro (1-2 mm)	cm
LC3	Comprimento de raiz classe de diâmetro (2-3 mm)	cm
LC4	Comprimento de raiz classe de diâmetro (3-4 mm)	cm
LC5	Comprimento de raiz classe de diâmetro (4-4,5 mm)	cm
LC6	Comprimento de raiz classe de diâmetro ($\geq 4,5$ mm)	cm
<i>Variáveis obtidas por meio da relação das variáveis citadas anteriormente</i>		
RRPA	Relação entre a massa seca da raiz/massa seca da parte aérea	g g ⁻¹
SLR	Relação entre a comprimento total de raiz/massa seca da parte aérea	cm g ⁻¹

Análise estatística

Os dados foram submetidos ao teste de normalidade de Shapiro-Wilk utilizando o pacote ds (ARNHOLD, 2014). Observada a normalidade de dados, foi realizada a análise de variância utilizando o pacote *easynova* (ARNHOLD, 2013) e quando significativo ($p < 0,05$) foi realizado o desdobramento das interações ou o estudo de um dos efeitos isolados. As médias foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott ($p < 0,05$).

Para a análise de agrupamento foi utilizada a distância euclidiana. Os agrupamentos hierárquicos foram obtidos pelo método UPGMA. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético de acordo com Sokal e Rohlf (1962). A significância dos coeficientes de correlação cofenético foi calculada pelo teste de Mantel com 10,000 permutações (MANTEL, 1967). O critério para definição do número de grupos foi feito pelo método do pseudo-t² (MINGOTTI, 2005) utilizando o pacote NbClust pertencente ao programa computacional R (CHARRAD et al., 2013).

As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R CORE TEAM, 2023). Também foi realizada análise de correlação linear de Pearson para determinar a correlação dos índices de tolerância avaliados no capítulo anterior para as variáveis de altura (ALT), número de ramos emitidos (NRE) e produtividade (PROD) e as variáveis avaliadas relativas à arquitetura radicular deste capítulo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de variância e teste de média

O resumo da análise de variância para as variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira encontra-se na tabela 3. Observa-se que, com exceção de MSF, LC4, LC5 e LC6, houve efeito significativo para os genótipos (linhagens avançadas e parentais de mamoneira) nas demais características avaliadas, confirmando a existência de variabilidade genética entre os mesmos, o que indica a necessidade de avaliação das médias separadamente em cada genótipo e sua comparação pelo teste de Scott-Knott. Este método é utilizado como alternativa em procedimentos de comparação múltipla, com a característica de não apresentar ambiguidade nos dados (BENIN et al., 2003) sendo, portanto, facilmente interpretados.

Tabela 3. Resumo da análise de variância com quadrados médios, significâncias e coeficientes de variação para variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira, Cruz das Almas, BA.

FV	GL	Quadrado médio							
		ALT	NF	AF	MFPA	MSPA	MSF	MSC	MSR
GEN	33	63,82**	1,89**	313,13**	10,48**	0,50**	0,09 ^{ns}	0,23**	0,11**
Erro	102	14,39	0,39	98,09	2,71	0,21	0,07	0,06	0,03
Total corrigido	135								
CV (%)		24,97	14,87	23,06	24,28	33,08	43,7	30,98	26,91

FV	GL	Quadrado médio							
		SLR	LTOTAL	LC1	LC2	LC3	LC4	LC5	LC6
GEN	33	7893928,89**	3505424,97**	3341583,96**	27581,95**	381,20**	10,53 ^{ns}	1,08 ^{ns}	5,00 ^{ns}
Erro	99	1102035,81	272684,18	253923,82	12050,59	186,88	6,8	0,8	3,14
Total corrigido	135								
CV (%)		42,58	32,06	36,15	54,39	48,58	45,21	59,41	47,03

FV = Fonte de variação; GL = Graus de liberdade; CV = Coeficiente de variação; ** = Significativo a 0,01; * = Significativo a 0,05; ^{ns} = Não significativo; ALT = Altura de planta; NF = Número de folhas; AF = Área Foliar; MFPA = Massa fresca da parte aérea; MSPA = Massa seca da parte aérea; MSF = Massa seca foliar; MSC = Massa seca do caule; MSR = Massa seca da raiz; SLR = Comprimento específico da raiz; LTOTAL = Comprimento total do sistema radicular; LC = Comprimento de raiz por classe de diâmetro: LC1 (0-1 mm); LC2 (1-2 mm); LC3 (2-3 mm); LC4 (3-4mm); LC5 (4-4,5) e LC6 (≥4,5 mm).

O teste de Scott-Knott possibilitou a detecção de variabilidade genética

entre as linhagens e parentais para as variáveis que apresentaram valores significativos (Tabela 4). Cada característica avaliada apresentou a formação de pelo menos três grupos. De acordo com Bezerra Neto et al. (2010) em programas de melhoramento de mamoneira como em outras culturas, a existência de variabilidade genética é de extrema relevância, pois possibilita a exploração dos efeitos da heterose.

Tabela 4. Valores médios das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de acordo com o teste de Scott-Knott de 34 linhagens avançadas e parentais de mamoneira, Cruz das Almas, BA.

SIGLA	GENÓTIPO	ALT	NF	AF	MFPA	MSC	MSPA	MSR	SLR	LTVOTAL	LC1	LC2	LC3
1	UFRB-17	12,5 b	4 b	41,45 a	6,13 b	0,71 b	1,34 b	0,78 a	620,77 c	435,73 c	222,44 c	176,3 b	27,47 a
2	UFRB-46	14,63 b	5 a	41,05 a	5,79 b	0,62 b	1,03 b	0,65 a	3107,85 b	1904,88 b	1665,83 b	194,62 b	32,34 a
3	UFRB-47	12,63 b	5 a	43,78 a	7,02 a	0,69 b	1,24 b	0,72 a	663,9 c	440,31 c	260,82 c	150,78 b	15,41 b
4	UFRB-62	14,12 b	5 a	52,16 a	7,15 a	0,72 b	1,3 b	0,94 a	3236,49 b	2846,05 a	2480,39 a	308,19 a	45 a
5	UFRB-74	15,63 a	4 b	43,81 a	7,88 a	0,82 b	1,6 a	0,75 a	3533,98 b	2602,11 a	2278,98 a	280,65 a	34,19 a
6	UFRB-86	21,38 a	5 a	55,5 a	7,81 a	1,12 a	1,79 a	0,86 a	2917,16 b	2506,23 a	2051,07 a	400,7 a	38,1 a
7	UFRB-91	19,75 a	4 b	55,62 a	8,44 a	1,05 a	1,64 a	0,71 a	3177,77 b	2209,71 a	2123,45 a	32,14 b	39,06 a
8	UFRB-97	14,5 b	5 a	48,31 a	5,38 b	0,68 b	1,35 b	0,57 b	2726,16 b	1582,76 b	1433,98 b	126,61 b	15,33 b
9	UFRB-109	18,75 a	4 b	41,42 a	6,77 a	0,73 b	1,34 b	0,66 a	4184,74 a	2649,8 a	2354,21 a	250,42 a	37,05 a
10	UFRB-111	19,78 a	4 b	50,23 a	9,14 a	1,08 a	1,69 a	0,61 b	2324,3 b	1498,02 b	1166,4 b	279,03 a	39,47 a
11	UFRB-121	17,25 a	4 b	49,88 a	5,62 b	1,02 a	1,93 a	0,62 b	962,32 c	596,95 c	256,03 c	299,76 a	29,4 a
12	UFRB-124	19,92 a	4 b	34,62 b	5,59 b	0,64 b	1,13 b	0,55 b	3558,57 b	1896,42 b	1736,42 b	132,46 b	18,13 b
13	UFRB-130	12,55 b	4 b	45,42 a	7,18 a	0,79 b	1,31 b	0,77 a	3474,02 b	2490,24 a	2135,36 a	299,21 a	42,17 a
14	UFRB-133	17,25 a	4 b	36,61 b	5,4 b	0,64 b	1,13 b	0,5 b	3616,93 b	1733,8 b	1553,79 b	128,37 b	38,23 a
15	UFRB-140	17,5 a	4 b	45 a	8,62 a	1,11 a	1,64 a	0,75 a	592,09 c	443,43 c	217,24 c	193,97 b	20,37 b
16	UFRB-145	11,83 b	5 a	43,13 a	7,31 a	0,8 b	1,42 b	0,71 a	383,8 c	281,95 c	27,84 c	218,34 a	26,24 b
17	UFRB-160	19,88 a	4 b	35,86 b	4,01 c	0,36 c	0,82 b	0,56 b	3449,62 b	1876,62 b	1626,32 b	212,07 a	28,99 a
18	UFRB-178	16 a	4 b	46,58 a	8,41 a	1,22 a	1,94 a	0,71 a	3237,87 b	2256,73 a	2019,57 a	208,42 a	18,85 b
19	UFRB-180	19,38 a	5 a	37,7 b	5,92 b	0,71 b	1,21 b	0,53 b	1021,58 c	524,62 c	249,85 c	243,84 a	23,65 b
20	UFRB-181	13 b	4 b	49,19 a	9,95 a	1,33 a	2,15 a	0,81 a	3036,26 b	2432,67 a	2207,99 a	184,69 b	28,2 a
21	UFRB-186	16 a	5 a	38 b	6,21 b	0,69 b	1,23 b	0,47 b	813,09 c	334,24 c	162,33 c	146,47 b	15,91 b
22	UFRB-188	17 a	4 b	35,86 b	7,63 a	0,98 a	1,69 a	0,75 a	473,28 c	330,43 c	224,56 c	88,22 b	8,77 b
23	UFRB-208	13,5 b	5 a	48,69 a	8,71 a	0,88 a	1,51 a	1 a	2578,16 b	2446,13 a	2129,64 a	269,5 a	33,3 a
24	UFRB-222	9,58 b	5 a	45,33 a	7,89 a	0,77 b	1,56 a	0,77 a	3648,54 b	2795,49 a	2509,69 a	244,64 a	29,34 a
25	UFRB-228	11,75 b	5 a	37,68 b	6,56 a	0,77 b	1,27 b	0,65 a	965,27 c	582,2 c	259,39 c	274,01 a	37,9 a
26	UFRB-247	15 b	5 a	53,13 a	7,12 a	0,45 c	1,2 b	0,71 a	863,94 c	551,13 c	252,56 c	249,85 a	36,84 a
27	UFRB-250	10 b	4 b	48,05 a	7,39 a	0,99 a	1,98 a	0,75 a	2623,43 b	1969,36 b	1693,62 b	230,28 a	32,01 a
28	UFRB-254	12,38 b	5 a	27,56 b	4,88 b	0,5 c	0,96 b	0,67 a	3105,98 b	1920,39 b	1719,04 b	162,24 b	26,85 b
29	UFRB-256	8,88 b	5 a	47 a	5,3 b	0,68 b	1,3 b	0,55 b	5376,48 a	2998,04 a	2857,31 a	106,07 b	24,96 b
30	PARAGUAÇU	18,37 a	5 a	46,21 a	1,92 c	0,18 c	0,41 b	0,13 c	893,28 c	454,41 c	439,44 c	7,23 b	6,24 b
31	SIPEAL	16 a	5 a	51,79 a	8,54 a	0,89 a	1,59 a	0,91 a	2551,64 b	2336,11 a	1978,06 a	303,04 a	39,94 a
32	MIRANTE	17 a	4 b	31,5 b	4,91 b	0,59 b	1,04 b	0,74 a	1194,15 c	774,09 c	550,62 c	191,26 b	19,63 b
33	MPA-17	12,38 b	4 b	36,02 b	6,7 a	0,7 b	1,23 b	0,45 b	5192,43 a	1767,58 b	1580,97 b	152,81 b	24,22 b
34	NORDESTINA	23 a	5 a	50,48 a	7,3 a	0,8 b	1,49 a	0,81 a	3725,78 b	2904,43 a	2692,33 a	177,15 b	23,12 b

Médias seguidas pela mesma letra na mesma coluna não diferem entre si pelo teste de

Scott-Knott a 5 % de probabilidade; ALT = Altura de planta; NF = Número de folhas; AF = Área Foliar; MFPA = Massa fresca da parte aérea; MSPA = Massa seca da parte aérea; MSF = Massa seca foliar; MSC = Massa seca do caule; MSR = Massa seca da raiz; SLR = Comprimento específico da raiz; LTOTAL = Comprimento total do sistema radicular; LC = Comprimento de raiz por classe de diâmetro: LC1 (0-1 mm); LC2 (1-2 mm); LC3 (2-3 mm).

Dois grupos foram formados para o caráter ALT, observa-se que 52,9% dos genótipos apresentaram valores estatisticamente similares com média de 18,32 cm, superando o outro grupo de linhagens e parentais com 47,1% com médias de (12,45 cm).

Em relação à ALT (Tabela 4), observa-se uma amplitude de 8,88 a 23 cm evidenciando alta variabilidade entre as linhagens e parentais, sendo que os genótipos 6 e 34 (UFRB-86 e o NORDESTINA) se destacaram pelas maiores médias absolutas (21,38 e 23,00 cm), respectivamente. Observa-se também que os genótipos 24 e 29 (UFRB-222 e UFRB-256) apresentaram os menores valores médios absolutos (9,58 e 8,88 cm), respectivamente. Silva (2016) relata maiores médias para altura de plantas para os genótipos (NORDESTINA e PARAGUAÇU), cultivadas em condição de campo no município de Alagoinhas-BA, corroborando com os resultados obtidos nesse experimento. Em contrapartida, considerando os resultados obtidos para o genótipo (UFRB-86) que apresenta os menores valores médios, o mesmo autor verificou que o mesmo genótipo apresentou o maior valor médio para a altura de plantas. Esta diferença pode estar associada à diferente condição de cultivo, bem como com as diferenças climáticas entre os municípios.

Para o NF (Tabela 4), observa-se uma variação de quatro a cinco folhas, sendo as 34 linhagens e parentais separadas em dois grupos. Verifica-se que 50% dos genótipos apresentaram média de 5 folhas, superando o outro grupo de linhagens e parentais com 50% com média de 4 folhas. O número de folhas pode estar relacionado a uma maior área fotossintetizante e estar associado a indivíduos mais produtivos (FAROOQ et al., 2010).

No que diz respeito à AF (Tabela 4) foram formados dois grupos, em que o maior valor médio foi de 55,62 cm² observado no genótipo 7 (UFRB-91), enquanto a menor AF foi de 27,56 cm², encontrada no genótipo 28 (UFRB-254). A área foliar é um dos mais importantes índices biométricos das plantas, pois, retrata o tamanho do seu aparelho assimilatório, o qual está diretamente

relacionado com os processos fisiológicos das plantas. A medição da área foliar da mamoneira é uma ação importante para o melhoramento dessa cultura, por tratar-se da característica que melhor demonstra à adequação, ou não, das condições ambientais ao desenvolvimento da planta (RIBEIRO et al., 2009).

Em relação à MFPA (Tabela 4), os genótipos 10 e 20 (UFRB-111 e UFRB-181), obtiveram as maiores médias absolutas (9,14 e 9,95 g), respectivamente. Por outro lado, os genótipos 17 e 30 (UFRB-160 e PARAGUAÇU), apresentaram os menores valores médios absolutos (4,01 e 1,92 g), respectivamente. Esse comportamento pode evidenciar uma variação significativa na produtividade dos genótipos de mamoneira avaliados, devido as diferenças genéticas entre os genótipos utilizados, bem como nas características do ambiente de cultivo (protegido).

Para a MSPA foram formados dois grupos, variando de 2,15 g no genótipo 20 (UFRB-181) a 0,41 g no genótipo 30 (PARAGUAÇU). Já a MSC foi dividida em três grupos distintos, variando de 0,18 g no genótipo 30 (PARAGUAÇU) a 1,33 g no genótipo 20 (UFRB-188). Essa variabilidade genética entre as diferentes linhagens avançadas e parentais estudadas é importante para a obtenção de variedades mais produtivas, resistentes e adaptadas às necessidades do cultivo.

A biomassa fresca da parte aérea das culturas desempenha um papel fundamental na produção, sendo um importante objetivo no melhoramento genético. Variedades que produzem mais biomassa com a mesma quantidade de luz solar são consideradas mais eficientes. Além disso, a saúde e vigor das plantas, refletidos na biomassa da parte aérea, podem influenciar a resistência a pragas e doenças. Variedades com maior biomassa podem ser mais resistentes a condições adversas, como a seca, tornando a cultura adaptável a diferentes regiões (FISHER; WOOD., 1979; AMARULLAH et al., 2017; TAIZ et al., 2017; MOLINA et al., 2021).

O comprimento específico de raiz apresentou uma variação de 5376,48 a 383,8 cm g⁻¹. Entre os genótipos avaliados, aqueles que apresentaram as maiores médias foram: 29 (UFRB-256), 33 (MPA) e 9 (UFRB-109), enquanto os genótipos 3 (UFRB-47), 1 (UFRB-17), 15 (UFRB-140), 22 (UFRB-188) e 16 (UFRB-145) apresentaram as menores médias.

O comprimento total de raiz varou de 2998,04 a 281,95 cm. Os genótipos 29 (UFRB-256), 34 (NORDESTINA), 4 (UFRB-62), 24 (UFRB-222) e 9 (UFRB-109) apresentaram as maiores médias, enquanto os genótipos 3 (UFRB-47), 1 (UFRB-17), 21 (UFRB 186), 22 (UFRB-188) e 16 (UFRB-145) as menores médias.

O comprimento por classe de raiz de 0 a 1 mm apresentou amplitude de 2857,31 a 27,84 cm. Os genótipos 29 (UFRB-256), 34 (NORDESTINA), 24 (UFRB-222), 4 (UFRB-62) e 9 (UFRB-109) apresentaram as maiores médias. Os genótipos 22 (UFRB 188), 1 (UFRB-17), 15 (UFRB-140), 21 (UFRB-186) e 16 (UFRB-145) apresentaram as menores médias.

Em relação ao comprimento por classe de raiz de 1 a 2 mm verificou-se uma amplitude de 400,7 a 7,23 cm. Os genótipos 6 (UFRB-86), 4 (UFRB-62), 31 (SIPEAL), 11 (UFRB-121) e 13 (UFRB-130) apresentaram as maiores médias. Já os genótipos 8 (UFRB-97), 29 (UFRB-256), 22 (UFRB-188), 7 (UFRB-91) e 30 (PARAGUAÇU) apresentaram as menores médias.

O comprimento por classe de raiz de 2 a 3 mm variou de 45 a 6,24 cm, tendo os genótipos 4 (UFRB-62), 13 (UFRB-130), 31 (SIPEAL), 10 (UFRB-111) e 7 (UFRB-91) apresentados as maiores médias. Os genótipos 21 (UFRB-186), 3 (UFRB-47), 8 (UFRB-97), 22 (UFRB-188) e 30 (PARAGUAÇU) apresentaram as menores médias.

Urbanavičiūtė et al. (2022) verificaram variabilidade de genótipos de trigo em termos de crescimento, distribuição e arquitetura do sistema radicular, associando estas características a tolerância ao déficit hídrico. Fenta et al. (2022) avaliaram a arquitetura radicular de três cultivares de soja e observaram variabilidade entre as cultivares, concluindo também que os parâmetros radiculares se associaram positivamente a produção das plantas em condições normais e de déficit hídrico.

A região Nordeste do Brasil apresenta variabilidade temporal e espacial em relação a distribuição do déficit hídrico durante o ano (APARECIDO et al., 2022). Dessa forma, as informações relacionadas à variabilidade da arquitetura radicular dos genótipos de mamoneira, constituem-se essenciais para indicação de cultivares e/ou linhagens mais eficientes na captação de água em diferentes condições de disponibilidade hídrica do solo.

Análise de agrupamento, componentes principais e correlação de Pearson

A tabela 5 apresenta a matriz de dissimilaridade a partir da distância euclidiana para as 34 linhagens avançadas e parentais de mamoneira considerando todas as variáveis avaliadas durante o experimento. O valor mínimo de dissimilaridade foi registrado para os genótipos 23 e 31 (1,65), enquanto o maior valor registrado foi para os genótipos 20 e 30 (13,76), o que indica que o cruzamento destes acessos pode ser promissor para o programa de melhoramento genético com vistas à obtenção ou manutenção da variabilidade genética. De acordo com Moraes et al. (2006), a relação de elevadas médias dos caracteres de interesse e uma suficiente variabilidade genética possibilita ganhos contínuos com a seleção.

Tabela 5. Matriz de dissimilaridade das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira, obtidas pela distância euclidiana, Cruz das Almas, BA.

GE	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10	G11	G12	G13	G14	G15	G16	G17	G18	G19	G20	G21	G22	G23	G24	G25	G26	G27	G28	G29	G30	G31	G32	G33	G34		
G1	0																																			
G2	4,30	0																																		
G3	2,74	4,26	0																																	
G4	6,36	4,48	6,81	0																																
G5	5,22	4,06	6,02	3,60	0																															
G6	7,61	6,62	7,88	4,30	4,48	0																														
G7	6,51	6,01	6,93	6,07	4,83	6,22	0																													
G8	4,43	3,10	3,41	6,17	5,17	7,27	5,82	0																												
G9	5,63	3,42	6,44	4,26	2,11	5,31	4,98	5,00	0																											
G10	5,64	5,70	6,33	5,52	3,60	4,16	4,35	6,14	4,28	0																										
G11	4,24	5,86	5,25	6,67	5,08	5,58	6,27	5,39	5,68	3,86	0																									
G12	5,20	3,70	5,37	7,14	5,02	8,02	6,22	3,85	3,84	6,30	6,34	0																								
G13	5,09	3,78	6,19	2,90	1,95	5,12	5,57	5,54	2,74	4,42	5,54	5,70	0																							
G14	4,88	3,01	5,73	6,34	4,65	7,83	5,69	4,36	3,28	5,73	6,06	2,77	4,65	0																						
G15	3,76	6,04	4,09	7,13	5,26	6,40	5,55	5,46	6,11	3,96	3,60	6,04	6,04	6,39	0																					
G16	2,50	4,44	2,01	6,27	5,58	7,08	6,92	4,37	6,25	5,43	4,27	6,13	5,56	5,85	3,66	0																				
G17	5,73	3,68	6,35	6,93	5,78	8,48	7,67	5,03	4,21	7,27	7,04	2,94	5,72	3,00	7,62	6,83	0																			
G18	5,88	5,90	6,08	6,08	3,49	5,19	4,47	5,30	4,72	3,87	4,84	5,79	4,91	6,25	4,11	5,87	7,75	0																		
G19	4,00	3,92	3,60	7,05	5,85	7,21	7,29	4,12	5,45	5,58	4,55	4,33	6,18	4,59	4,71	3,55	4,76	6,49	0																	
G20	6,89	7,21	7,26	6,30	4,41	5,66	4,68	6,94	6,04	4,55	6,08	7,75	5,46	7,66	5,13	6,73	9,51	2,46	8,19	0																
G21	3,88	4,38	2,68	8,00	6,62	8,56	7,42	3,51	6,41	6,52	5,34	4,46	6,97	4,93	4,83	3,40	5,52	6,66	2,22	8,27	0															
G22	4,00	6,42	3,91	8,63	6,53	8,51	6,68	5,32	7,02	6,29	5,30	5,46	7,43	6,47	2,92	4,44	7,50	5,24	4,97	6,54	4,25	0														
G23	5,60	4,82	5,70	2,61	3,32	4,22	5,58	5,78	4,76	4,95	6,12	6,95	3,52	6,73	5,55	5,22	7,63	4,62	6,66	4,61	7,28	6,99	0													
G24	5,66	3,86	5,54	3,48	3,05	5,67	5,93	4,65	4,22	5,58	6,38	6,06	3,14	5,71	6,32	5,30	6,84	4,50	6,48	4,91	6,66	7,16	2,88	0												
G25	3,17	3,73	3,68	5,75	5,23	6,98	7,37	4,99	5,55	5,45	4,65	5,97	4,78	5,02	4,97	2,27	6,01	6,50	3,41	7,36	4,03	5,85	5,42	5,20	0											
G26	3,86	4,18	3,84	5,23	5,59	6,62	6,76	4,79	5,81	5,45	5,02	6,45	5,22	5,70	5,39	3,31	6,10	7,08	4,18	7,91	4,79	6,65	5,32	5,69	3,51	0										
G27	4,64	5,18	5,53	4,88	3,09	5,55	5,09	5,16	4,70	4,27	4,31	6,40	3,48	5,84	4,68	4,80	7,49	3,17	6,46	3,30	6,59	5,94	3,90	3,34	5,08	5,79	0									
G28	5,10	2,81	5,10	6,52	5,77	8,83	8,02	4,51	5,10	7,86	7,53	4,00	5,56	3,88	7,41	5,58	3,95	7,39	4,90	8,73	4,89	6,80	6,57	5,28	4,74	6,15	6,67	0								
G29	6,94	4,14	6,59	6,03	5,48	8,30	6,58	4,05	5,23	7,69	7,95	5,51	5,37	5,11	8,26	7,08	6,23	6,34	7,29	7,30	6,88	8,29	6,33	4,01	6,89	7,20	5,67	4,97	0							
G30	9,13	8,35	8,25	12,2	11,5	13,4	11,4	7,25	10,4	11,7	10,5	7,68	11,4	8,16	10,8	9,46	7,36	11,9	7,65	13,7	6,73	9,89	12,4	11,4	9,63	9,09	11,8	8,33	9,41	0						
G31	5,85	4,89	6,12	2,28	3,12	2,98	5,22	5,94	4,37	3,97	5,49	7,03	3,36	6,53	5,53	5,36	7,50	4,69	6,39	4,79	7,33	7,38	1,65	3,51	5,32	4,92	4,02	7,05	6,70	12,4	0					
G32	3,11	4,18	3,96	7,33	5,89	8,47	7,69	4,70	5,47	6,87	5,67	3,62	6,03	4,31	5,27	4,50	3,90	6,86	3,40	8,51	3,70	4,54	6,89	6,69	4,41	5,35	6,54	3,91	7,26	7,99	7,16	0				
G33	5,42	3,74	5,65	6,89	4,65	8,32	6,41	4,15	4,07	6,23	6,61	3,32	4,88	3,04	6,51	5,97	4,58	5,55	5,46	7,02	5,15	6,39	6,73	4,92	5,55	6,58	5,36	4,13	4,05	8,81	6,91	5,18	0			
G34	6,80	4,76	6,44	4,80	4,15	4,72	4,49	4,79	3,95	5,25	6,53	5,06	5,30	5,78	6,20	6,82	6,23	4,65	6,18	5,98	6,87	6,95	4,47	4,90	7,12	6,37	5,83	6,64	5,92	10,6	4,27	6,76	6,29	0		

A análise de agrupamento realizada pelo método hierárquico UPGMA utilizando como medida de dissimilaridade genética a distância euclidiana, resultou no dendrograma (Figura 1) que ilustra a distância genética entre os genótipos estudados. O valor do coeficiente de correlação cofenético foi de 0,80, considerado aceitável conforme Bussab et al. (1990).

Verificou-se a formação de quatro grupos. O grupo um reuniu 29,41% do número total de genótipos, sendo os seguintes: 1 (UFRB-17), 3 (UFRB-47), 15 (UFRB-140), 16 (UFRB-145), 19 (UFRB-180), 21 (UFRB-186), 22 (UFRB-188), 25 (UFRB-228), 26 (UFRB-247), e 32 (MIRANTE) (Figura 1). O segundo grupo foi formado pelos genótipos: 2 (UFRB-46), 8 (UFRB-97), 12 (UFRB-124), 14 (UFRB-133), 17 (UFRB-160), 28 (UFRB-254), 29 (UFRB-256), 33 (MPA-17) (Figura 1). O grupo três reuniu o maior número de genótipos, totalizando 15 (44,12%), sendo composto por: 4 (UFRB-62), 5 (UFRB-74), 6 (UFRB-86), 7 (UFRB-91), 9 (UFRB-109), 10 (UFRB-111), 11 (UFRB-121), 13 (UFRB-130), 18 (UFRB-178), 20 (UFRB-181), 23 (UFRB-208), 24 (UFRB-222), 27 (UFRB-250), 31 (SIPEAL) e 34 (NORDESTINA), e o grupo quatro apenas pelo GEN 30 (PARAGUAÇU) (Figura 1). O agrupamento do genótipo 30 pode ser explicado em função dos valores mais altos de dissimilaridade desse genótipo em relação aos demais (Tabela 5).

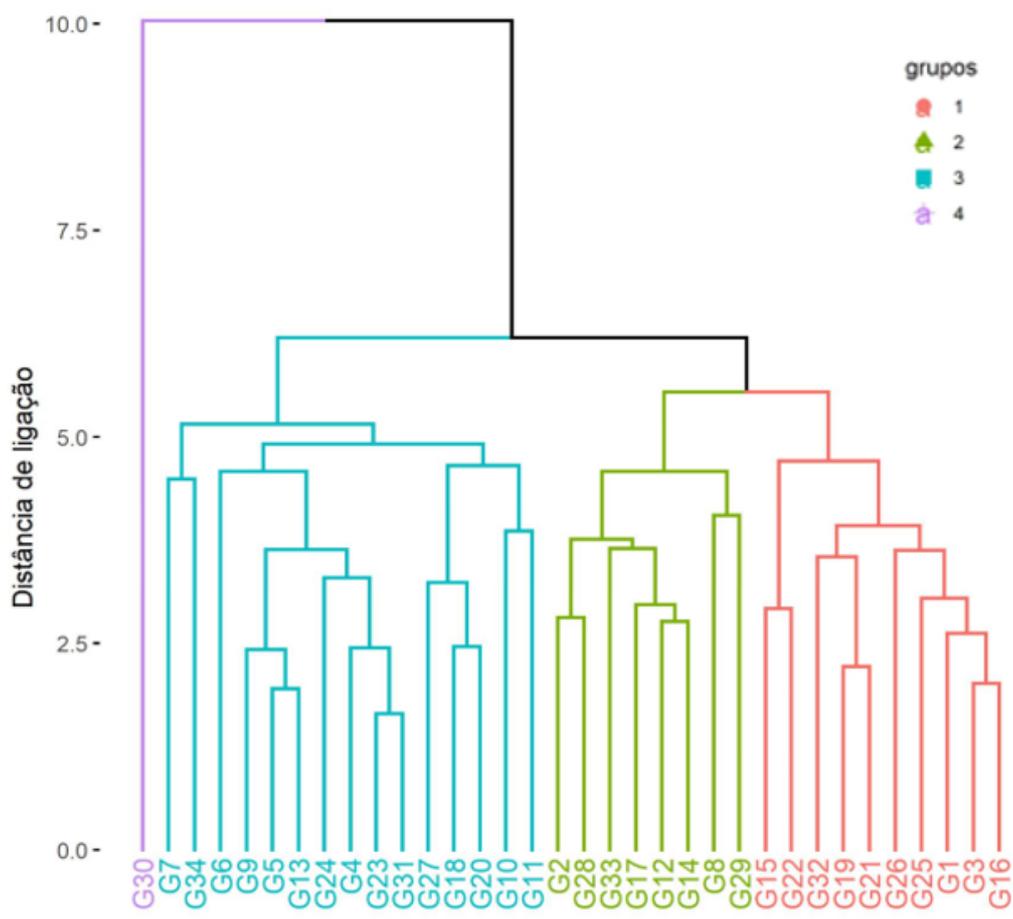


Figura 1. Dendrograma representando a dissimilaridade genética entre 34 linhagens avançadas e parentais de mamoneira, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, considerando variáveis biométricas e de arquitetura radicular, Cruz das Almas, BA.

Para uma melhor compreensão e discussão das principais características utilizadas na análise de agrupamento UPGMA, analisou-se adicionalmente os valores médios de cada variável (Tabela 6).

Tabela 6. Valores médios das variáveis biométricas e de arquitetura radicular de linhagens avançadas e parentais de mamoneira por grupo formado pelo método UPGMA, Cruz das Almas, BA.

Grupo	Médias											
	ALT	NF	AF	MFPA	MSC	MSPA	MSR	SLR	LTVOTAL	LC1	LC2	LC3
I	15,06	4,60	40,72	6,74	0,75	1,33	0,68	759,19	469,81	242,77	193,30	23,22
II	14,98	4,50	38,38	5,38	0,60	1,12	0,56	3766,75	1960,06	1771,71	151,91	26,13
III	16,02	4,40	48,94	7,88	0,95	1,65	0,78	3014,16	2302,67	2005,12	251,19	33,95
IV	18,37	5,00	46,21	1,92	0,18	0,41	0,13	893,28	454,41	439,44	7,23	6,24

ALT = Altura de planta; NF = Número de folhas; AF = Área Foliar; MFPA = Massa fresca da parte aérea; MSPA = Massa seca da parte aérea; MSF = Massa seca

foliar; MSC = Massa seca do caule; MSR = Massa seca da raiz; SLR = Comprimento específico da raiz; LTOTAL = Comprimento total do sistema radicular; LC = Comprimento de raiz por classe de diâmetro: LC1 (0-1 mm); LC2 (1-2 mm); LC3 (2-3 mm).

O genótipo 30 (PARAGUAÇU), único membro pertencente ao grupo quatro, apresenta a maior ALT, maior NF e AF, o que pode favorecer os processos fotossintéticos em ambientes favoráveis devido a uma AF maior para interceptar a energia luminosa (BRINATE et al., 2015; KHAN et al., 2016).

O grupo 2 apresentou os maiores valores para SLR, enquanto o grupo 3 apresentou os maiores valores para LTOTAL e LC1 associados aos maiores valores de MFPA, MSC, MSPA e MSR.

A análise de correlação realizada para todas as variáveis resultou em um total de 153 correlações, das quais 39 foram significativas, com valores sendo classificados como muito fraco a muito forte, positivo e negativo. Valores de 0,00 a 0,19 são classificados como correlação muito fraca; de 0,20 a 0,39 como correlação fraca; de 0,40 a 0,69, como correlação moderada; de 0,70 a 0,89, como correlação forte; e de 0,90 a 1,00, como correlação muito forte (DEVORE, 2006). Três aspectos devem ser considerados na interpretação das correlações: magnitude, direção e significância.

Levando-se em consideração a ALT de linhagens avançadas e parentais de mamoneira na safra agrícola 2011 (Figura 2) nota-se que o LTOTAL apresenta correlação significativamente negativa com Yp (-0,42), SUS (-0,47), DSI (-0,41) e positiva com YSI (0,41). O comprimento de raiz com classe de diâmetro de 0-1 mm registrou correlação significativamente negativa com Yp (-0,41), SUS (-0,47), DSI (-0,41) e positiva com YSI (0,41).

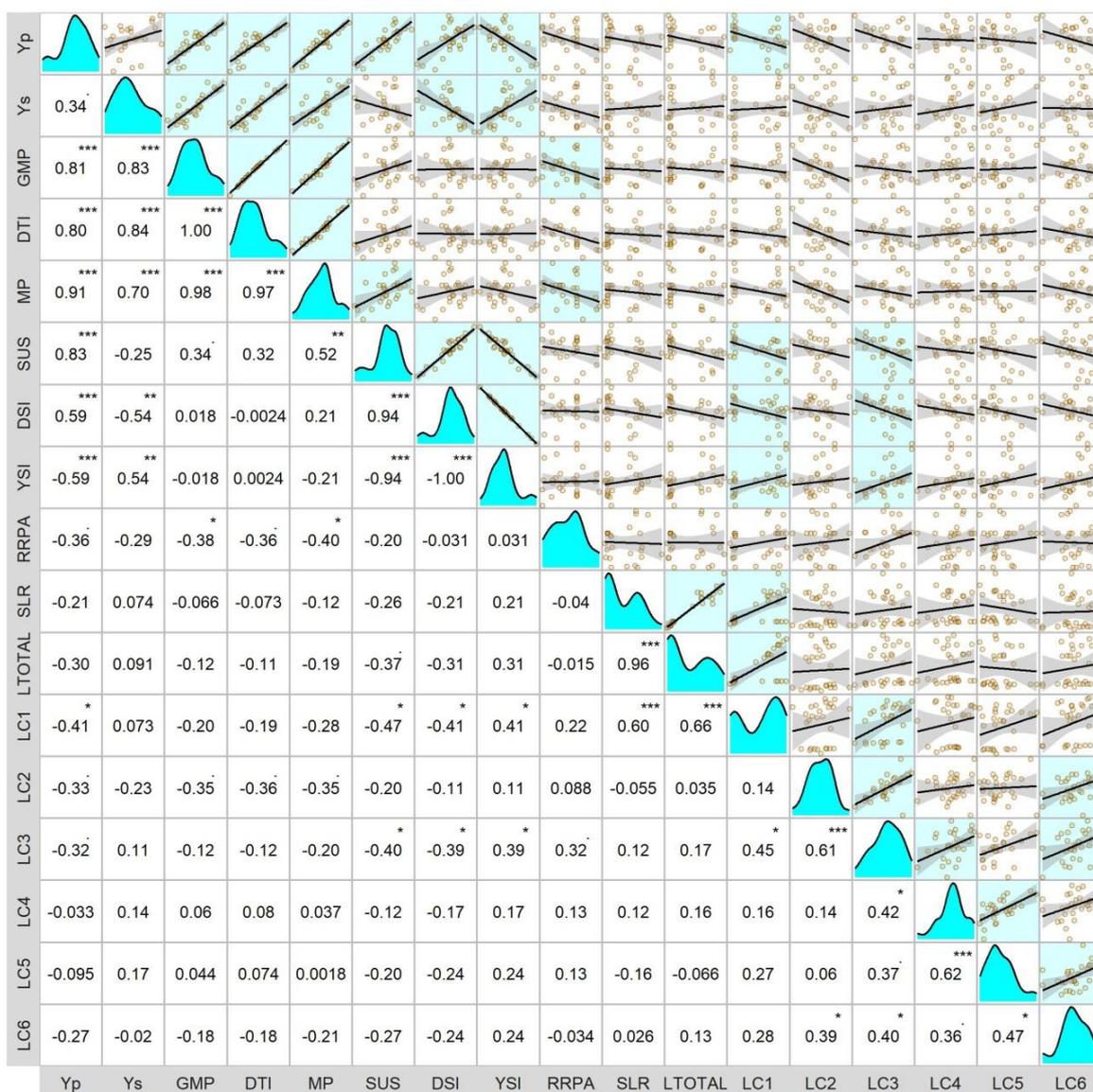


Figura 2. Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância à seca e altura de genótipos de mamoneira.

Yp = Valor do caractere na safra agrícola 2011; Ys = Valor do caractere na safra agrícola 2012; GMP = Produtividade geométrica média; DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico; MP = Produtividade média; SUS = Susceptibilidade; DSI = Índice de susceptibilidade ao estresse; YSI = Índice de estabilidade da produção; LTOTAL = Comprimento total de raiz; LC = Comprimento de raiz por classe de diâmetro: 1 (0-1 mm); 2 (1-2 mm); 3 (2-3 mm); 4 (3-4mm); 5 (4-4,5) e 6 (≥4,5 mm).

Em relação ao número de ramos emitidos (Figura 3) foi verificado que o comprimento total de raiz apresentou relação positiva significativa com Ys (0,43) e YSI (0,43) e negativa com SUS (-0,33) e DSI (-0,35). De forma semelhante, o comprimento de raiz com classe de diâmetro entre 0-1 mm registrou correlação positiva com Ys (0,41) e YSI (0,45) e negativa com SUS (-0,38) e DSI (-0,45). O comprimento de raiz com classe de diâmetro entre 3-4 mm de diâmetro

apresentou correlação negativa com Yp (-0,44), GMP (-0,45), DTI (-0,45), MP (-0,44) e SUS (-0,32).

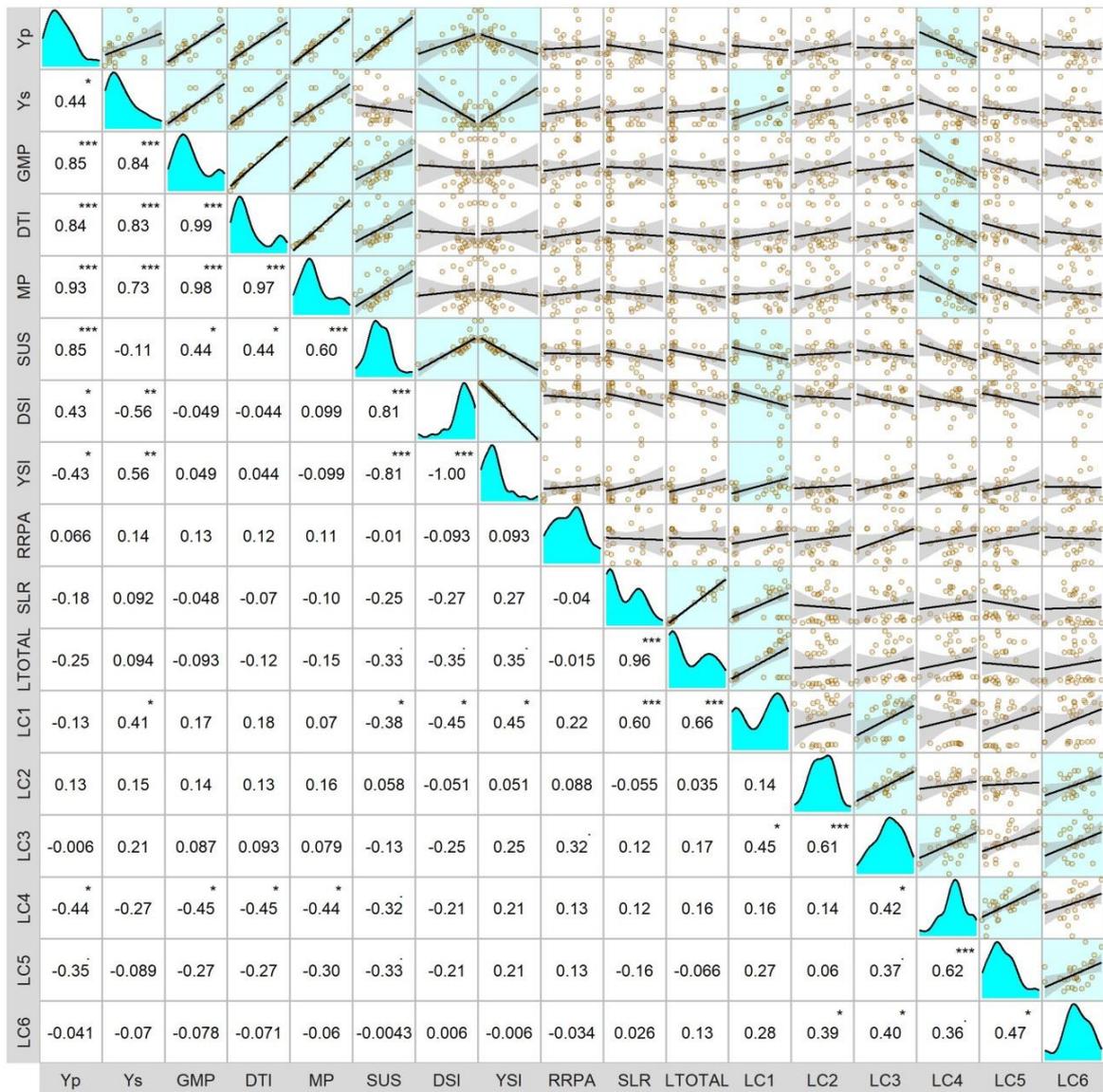


Figura 3. Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância à seca e número de ramos emitidos (NRE) de genótipos de mamoneira. Yp = Valor do caractere na safra agrícola 2011; Ys = Valor do caractere na safra agrícola 2012; GMP = Produtividade geométrica média; DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico; MP = Produtividade média; SUS = Susceptibilidade; DSI = Índice de susceptibilidade ao estresse; YSI = Índice de estabilidade da produção; LTOTAL-Comprimento total de raiz; LC - Comprimento de raiz por classe de diâmetro: 1 (0-1 mm); 2(1-2 mm); 3 (2-3 mm); 4 (3-4mm); 5 (4-4,5) e 6 (≥4,5 mm).

Em relação à produtividade (Figura 4) observou-se que LTOTAL registrou correlação positiva com Ys (0,56) e negativa com SUS (-0,61), DSI (-0,71) e positiva com YSI (0,71). O comprimento de raiz com classe de diâmetro entre 0-1 mm registrou correlação positiva com Ys (0,55), YSI (0,71) e negativo com SUS (-

0,62), DSI (-0,72).

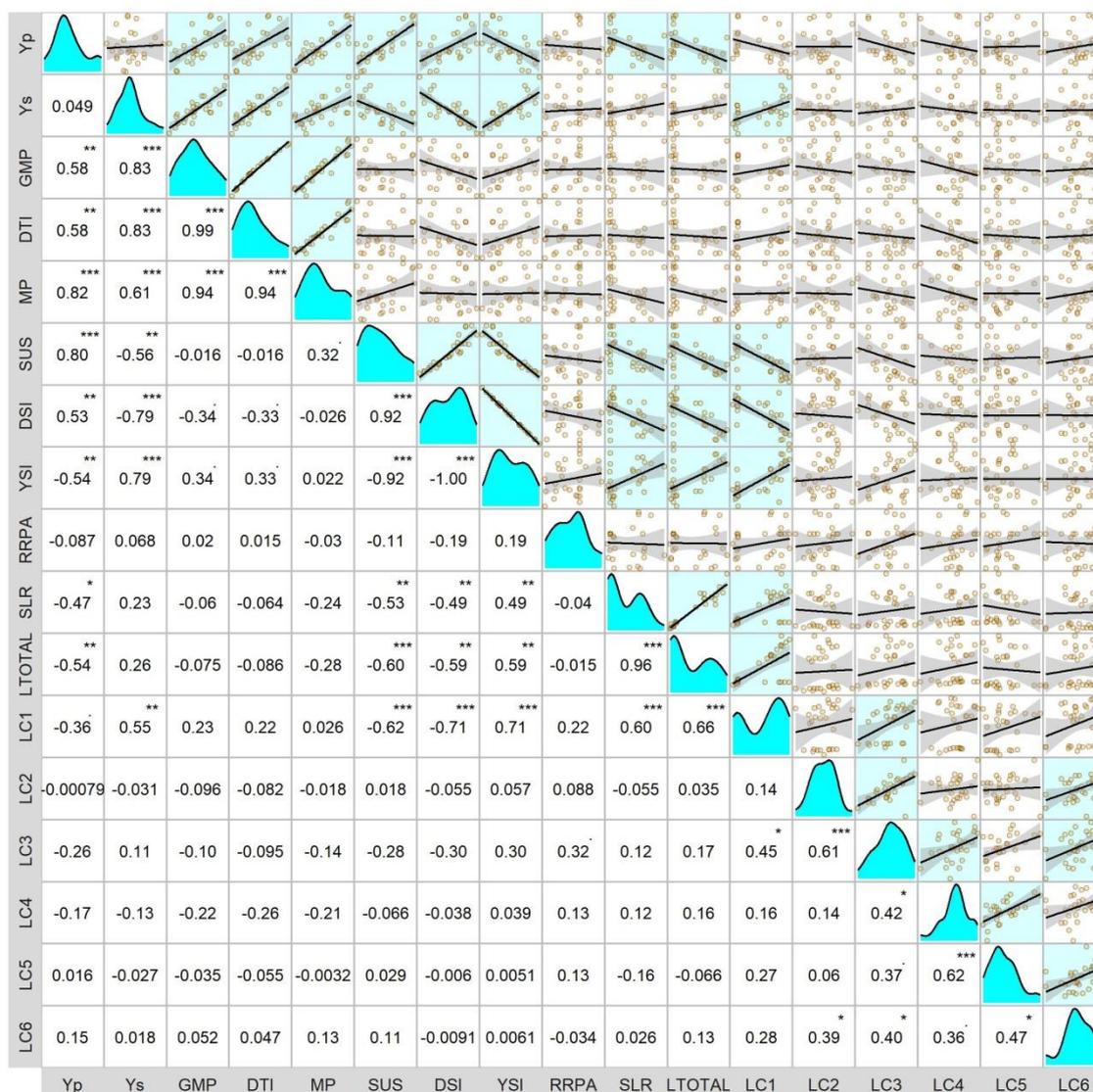


Figura 4. Matriz de correlação de classes de diâmetro de raízes, índices de tolerância e produtividade de genótipos de mamoneira.

Yp = Valor do caractere na safra agrícola 2011; Ys = Valor do caractere na safra agrícola 2012; GMP = Produtividade geométrica média; DTI = Índice de tolerância ao estresse hídrico; MP = Produtividade média; SUS = Susceptibilidade; DSI = Índice de susceptibilidade ao estresse; YSI = Índice de estabilidade da produção; LTOTAL = Comprimento total de raiz; LC = Comprimento de raiz por classe de diâmetro: 1 (0-1 mm); 2(1 – 2 mm); 3 (2 – 3 mm); 4 (3 – 4mm); 5 (4 – 4,5) e 6 (≥4,5 mm)

A análise de componentes principais (PCA) foi realizada considerando os valores dos caracteres agrônômicos obtidos durante o experimento, sendo submetidos à análise biplot para obtenção da relação entre esses caracteres e os genótipos de mamoneira (Tabela 7).

Observa-se que os dois primeiros componentes principais explicaram 61,20% da variância. O PC1 explicou 44,98% da variação a alta correlação positiva com ALT, NF, MFPA, MSF, MSC, MSPA, MSR, LC2, LC3, LC4, LC5 e LC6 (Tabela 2 e Figura 8A). O PC2 explicou 16,21% da variação total e correlacionou-se positivamente com SLR, LTOTAL e LC1. As variáveis que mais contribuíram para o PC1 foram MFPA, MSPA, MSR e MSC e para o PC2 foram SLR, LC1 e LTOTAL. Além disso, é possível inferir que os genótipos que estão deslocados na direção do autovetor indicam que esses genótipos apresentam maiores valores para a característica representada pelo autovetor, ao passo que os genótipos que estão opostos ao autovetor apresentam piores valores para a característica representada pelo autovetor (JOLLIFFE, 2002). Desse modo, é possível assumir que o genótipo 29 (UFRB-256), que foi projetada na direção dos autovetores é o genótipo que apresenta, de forma isolada, os maiores valores para as características representadas pelos autovetores de SLR, LC1 e LTOTAL. O genótipo 30 (PARAGUAÇU), por sua vez, apresenta, também de forma isolada, os menores valores para as características representadas pelos autovetores, uma vez que foi projetada na direção oposta aos autovetores.

No presente estudo não houve associação significativa entre as variáveis relacionadas à arquitetura radicular e as de produção, no entanto, LTOTAL e LC1 apresentaram correlação significativa com a produtividade de linhagens de mamoneira em condição de déficit hídrico, o que sugere que estas variáveis podem contribuir na seleção precoce de cultivares e linhagens tolerantes à condições de déficit hídrico.

Diversos estudos destacaram a importância de um sistema radicular profundo para a absorção de água em camadas mais profundas do solo, principalmente em ambientes com estresse hídrico. Essa característica tem sido observada em diferentes culturas, como o sorgo (*Sorghum bicolor* L.) (STEELE et al., 2013), leguminosas (HAMMER et al., 2009) e arroz (*Oryza sativa* L.) (WASSON et al., 2012). A presença de um sistema radicular mais desenvolvido e profundo permite que as plantas acessem água de camadas inferiores do solo, onde normalmente há uma reserva maior de umidade, contribuindo para a adaptação e a sobrevivência em condições de estresse hídrico.

Da mesma forma, as raízes finas aumentam a absorção de nutrientes e água através do aumento da área superficial radicular por unidade de massa. Isso

permite uma maior capacidade de absorção de nutrientes e água, o que é especialmente importante em condições de estresse hídrico e disponibilidade limitada de nutrientes. As raízes finas têm maior eficiência em explorar o solo em busca de recursos, permitindo que as plantas maximizem a absorção de nutrientes e água necessários para o seu crescimento e desenvolvimento. (FITTER, 2002; LANDI et al., 2010; HENRY et al., 2012). Este papel torna-se ainda mais importante em solos deficientes em água e nutrientes devido ao aumento da variabilidade climática sob os sistemas de cultivo atuais (NARDINI et al., 2002). A arquitetura radicular também tem um impacto significativo na eficiência de uso de nitrogênio (COMAS et al., 2012). O aumento do vigor precoce resulta em um crescimento radicular mais profundo e rápido, formando raízes mais adventícias na camada superior do solo, o que aumenta o uso de nutrientes e água e reduz as perdas evaporativas superficiais do solo (SINCLAIR, 1994).

Tabela 7. Análise de componentes principais de caracteres agrônômicos de genótipos de mamoneira.

CP	Autovalores	Variância (%)	Variância acumulada (%)
PC1	4,69	39,12	39,12
PC2	2,49	20,76	59,88
Variável	Correlação (%)		
	PC1	PC2	
ALT	-0,060	-0,042	
NF	-0,154	0,126	
AF	0,611	-0,141	
MFPA	0,820	-0,405	
MSF	0,747	-0,491	
MSC	0,782	-0,469	
MSPA	0,759	-0,235	
MSR	0,438	0,835	
SLR	0,650	0,728	
LTOTAL	0,593	-0,164	
LC1	0,654	0,183	
LC2	-0,060	-0,042	
LC3	-0,154	0,126	

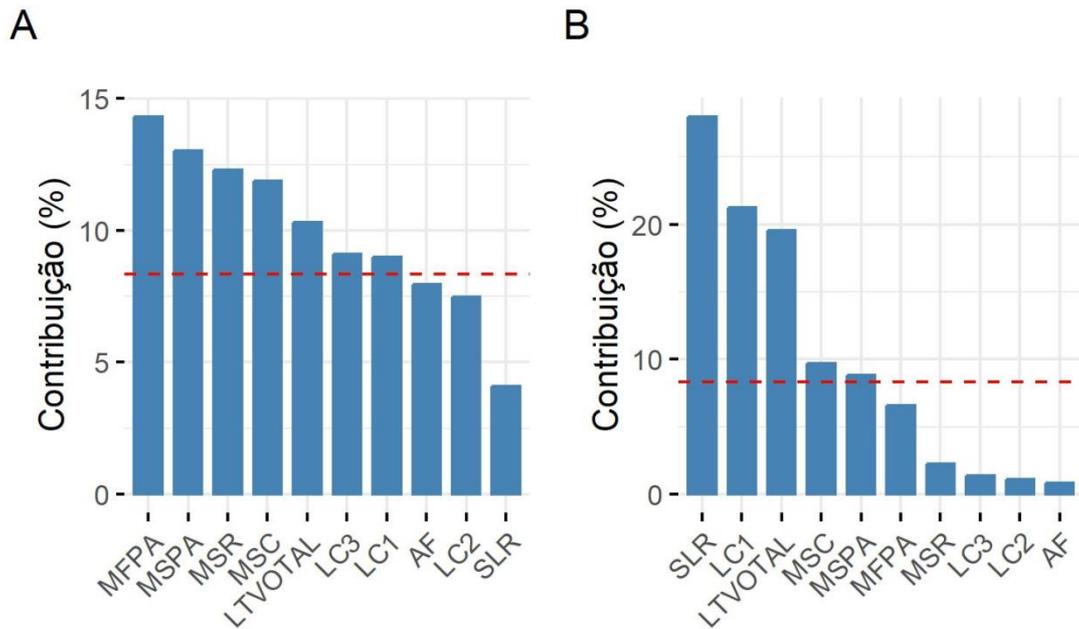


Figura 5. Contribuição de cada para variável para A - PC1 e B - PC2

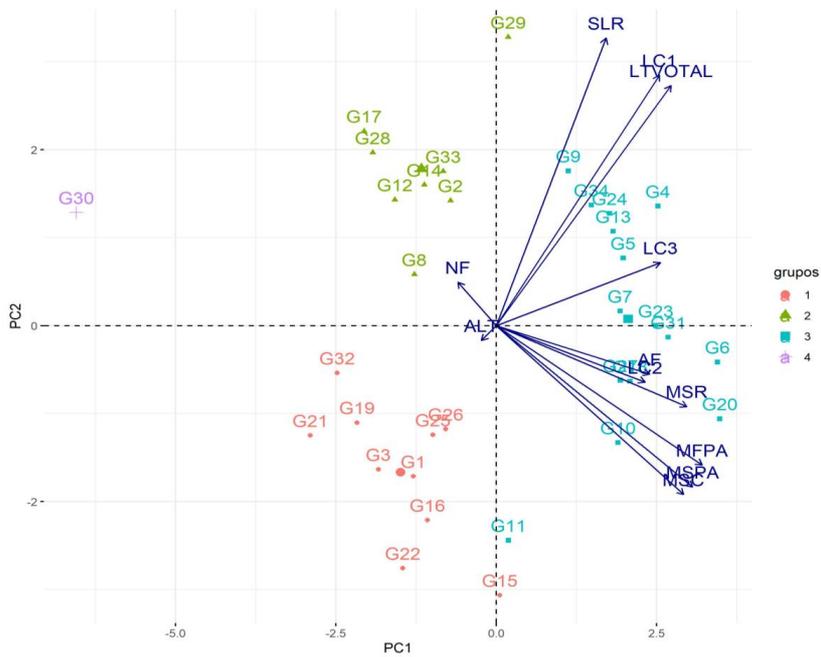


Figura 6. Análise de agrupamento e componentes principais de genótipos de mamoneira.

CONCLUSÕES

Os genótipos apresentaram variabilidade em relação ao crescimento inicial e à arquitetura radicular.

Os genótipos UFRB-181, UFRB-250 e UFRB-178 apresentaram os maiores valores de MSPA, enquanto os genótipos UFRB-256, NORDESTINA e UFRB-222 apresentaram os maiores valores de LTOTAL e LC1.

LTOTAL e LC1 apresentaram correlação positiva significativa com a produtividade de genótipos de mamoneira em condição de estresse hídrico, o que sugere que estas variáveis podem ser utilizadas para selecionar de forma precoce cultivares e linhagens tolerantes ao déficit hídrico.

REFERÊNCIAS

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Koppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22: p.711-728, 2013.

AMARULLAH, A.; INDRADEWA, D.; YUDONO, P.; SUNARMINTO, B. H. Correlation of growth parameters with yield of two cassava varieties. **Ilmu Pertanian (Agricultural Science)**, v.1, n.3, p.100-104, 2017.

APARECIDO, L. E. O.; LORENÇONE, P. A.; LORENÇONE, J. A.; DE MENESES, K. C.; DE MORAES, J. R. D. S. C.; FARIAS, M. F. Soil water seasonal and spatial variability in Northeast Brazil. **Environment, Development and Sustainability**, v.24, n.5, p.6136-6152, 2022.

ARAUS, J. L.; SLAFER, G. A.; ROYO, C.; SERRET, M. D. Breeding for yield potential and stress adaptation in cereals. **Critical Reviews in Plant Science**, v.27, n.6, p.377-412, 2008.

ARNHOLD, E. Package in the R environment for analysis of variance and complementary analyses. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v.50, p.488- 492, 2013.

ARNHOLD, E. Pacote em ambiente R para automatizar estatísticas descritivas. **Sigmae**, v.3, p.36-42, 2014.

BAO, Y.; AGGARWAL, P.; ROBBINS, N. E.; STURROCK, C. J., THOMPSON, M. C.; TAN, H. Q.; DINNENY, J. R. Plant roots use a patterning mechanism to position lateral root branches toward available water. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.111, n.25, p.9319-9324, 2014.

BENGOUGH, A. G.; MCKENZIE, B. M.; HALLETT, P. D.; VALENTINE, T. Root elongation, water stress, and mechanical impedance: a review of limiting stresses and beneficial root tip traits. **Journal of experimental botany**, v.62, n.1, p.59-68, 2011.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D. A. M. Comparações entre médias de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Revista Ciência Rural**, v.33, p.657-662, 2003.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; GONÇALVES, L. S. A.; RÊGO FILHO, L. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Descritores quantitativos na estimativa de divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, p. 294-299, 2010.

BOYER, J.S. Advances in drought tolerance in plants. **Advances in agronomy**. 1996, v.56, p.187-218, 1996.

CHARRAD, M.; GHAZZALI, N.; BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. (2013) **NbClust: An examination of indices for determining the number of clusters**. R package version 1.4. Disponível em: <http://cran.r-project.org/web/packages/NbClust/index.html>

COSTA, C.; DWYER, L. M.; ZHOU, X.; DUTILLEUL, P.; HAMEL, C.; REID, L. M.; SMITH, D. L. Root morphology of contrasting maize genotypes. **Agronomy Journal**, Madison, v. 94, n. 1, p. 96-101, Jan./Feb. 2002.

COMAS, L. H.; MUELLER, K. E.; TAYLOR, L. L.; MIDFORD, P. E.; CALLAHAN, H. S.; BEERLING, D. J. Evolutionary patterns and biogeochemical significance of angiosperm root traits. **International Journal of Plant Sciences**, v.173, n.6, p.584-595, 2012.

Den HERDER, G.; Van ISTERDAEL, G.; BEECKMAN, T. ;De SMET, I. The roots of a new green revolution. **Trends in plant science**, v.15, n.11, p.600-607, 2010.

FAROOQ, M.; HUSSAIN, M.; WAHID, A.; SIDDIQUE, K. H. M. **Drought stress in plants: An overview**. In *Plant Responses to Drought Stress: From Morphological to Molecular Features*; Aroca, R., Ed.; Springer: Berlin, Germany, pp. 1-36, 2012.

FENTA, B. A.; BEEBE, S. E.; KUNERT, K. J.; BURRIDGE, J. D.; BARLOW, K. M.; LYNCH, J. P.; FOYER, C. H. Field phenotyping of soybean roots for drought stress tolerance. **Agronomy**, v.4, n.3, p.418-435, 2014.

FIORANI, F.; SCHURR, U. Future scenarios for plant phenotyping. **Annual review of plant biology**, v.64, p.267-291, 2013.

FISCHER, R. A.; WOOD, J. T. Drought resistance in spring wheat cultivars. III.* Yield associations with morpho-physiological traits. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.30, n.6, p. 001-1020, 1979.

FITTER, A. **Characteristics and functions of root systems**. In *Plant Roots: The Hidden Half*, 3rd ed.; Waisel, Y., Eshel, A., Kafkafi, U., Eds.; Marcel Dekker: New York, NY, USA, 2002; p.15-32.

FURBANK, R. T.; TESTER, M. Phenomics—technologies to relieve the phenotyping bottleneck. **Trends in plant science**, v.16, n.12, p.635-644, 2011.

GUO, Q.; ZHU, Z. Phenotyping of plants. *Encyclopedia of Analytical Chemistry: Applications, Theory and Instrumentation*, p.1-15, 2006.

GUPTA, P. K.; BALYAN, H. S.; GAHLAUT, V.; KULWAL, P. L. Phenotyping, Genetic Dissection, and Breeding for Drought and Heat Tolerance in Common Wheat: Status and Prospects. **Plant breeding reviews**, v.36, p.85, 2012.

HAMMER, G. L.; DONG, Z. S.; MCLEAN, G.; DOHERTY, A.; MESSINA, C.; SCHUSLER, J.; ZINSELMEIER, C.; PASZKIEWICZ, S.; COOPER, M. Can changes in canopy and/or root system architecture explain historical maize yield trends in the US corn belt?. **Crop Science**, v.49, n.1, p.299-312, 2009.

HENRY, A.; CAL, A. J.; BATOTO, T. C.; TORRES, R. O.; SERRAJ, R. Root attributes affecting water uptake of rice (*Oryza sativa* L.) under drought. **Journal of experimental botany**, v.63, n.13, p.4751-4763, 2012.

HOAGLAND D. R.; ARNON, D. I. The water-culture method for growing plants without soil. Circular. **California agricultural experiment station**, v.347, p.1-32, 1950.

KARLOVA, R.; BOER, D.; HAYES, S.; TESTERINK, C. Root plasticity under abiotic stress. **Plant Physiology**, v.187, n.3, p.1057-1070, 2021.

KHALID, M. F.; HUSSAIN, S.; AHMAD, S.; EJAZ, S.; ZAKIR, I.; ALI, M. A.; ANJUM, M. A. Impacts of abiotic stresses on growth and development of plants. In: **Plant tolerance to environmental stress**. CRC Press, 2019. p.1-8.

KOEVOETS, I. T.; VENEMA, J. H.; ELZENGA, J. T. M.; TESTERINK, C. Roots withstanding their environment: exploiting root system architecture responses to abiotic stress to improve crop tolerance. **Frontiers in plant science**, v.7, p.1-19, 2016.

LANDI, P.; GIULIANI, S.; SALVI, S.; FERRI, M., TUBEROSA, R., & SANGUINETI, M. C. Characterization of root-yield-1.06, a major constitutive QTL for root and agronomic traits in maize across water regimes. **Journal of experimental botany**, v.61, n.13, p.3553-3562, 2010.

LUDLOW, M. M.; MUCHOW, R. C. A critical evaluation of traits for improving crop yields in water-limited environments. **Advances in agronomy**, v.43, p.107-153, 1990.

LYNCH, J. Root architecture and plant productivity. **Plant physiology**, v.109, n.1, p.7, 1995.

MANAVALAN, L. P.; GUTTIKONDA, S. K.; NGUYEN, V. T.; SHANNON, J. G.; NGUYEN, H. T. Evaluation of diverse soybean germplasm for root growth and architecture. **Plant and soil**, v.330, n.1, p.503-514, 2010.

MANSCHADI, A. M.; HAMMER, G. L.; CHRISTOPHER, J. T.; DEVOIL, P. Genotypic variation in seedling root architectural traits and implications for drought adaptation in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Plant and soil**, v.303, n.1, p.115-129, 2008.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, v.27, p.209-220, 1967.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005. 297 p.

MOHAMED, M. F.; KEUTGEN, N.; TAWFIKA, A. A.; NOGA, G. Dehydration-

avoidance responses of tepary bean lines differing in drought resistance. **Journal of Plant Physiology**, v.159, n.1, p.31-38, 2002.

NARAYANAN, S.; MOHAN, A.; GILL, K. S.; PRASAD, P. V. Variability of root traits in spring wheat germplasm. **PLoS One**, v.9, n.6, p.100317, 2014.

NARDINI, A.; SALLEO, S.; TYREE, M. T. **Ecological aspects of water permeability of roots**. In *Plant Roots: The Hidden Half*, 3rd ed.; Waisel, Y., Eshel, A., Kafkafi, U., Eds.; Marcel Dekker: New York, NY, USA, 2002; p. 683-698.

NGUYEN, L. V.; BERTERO, D.; NGUYEN, L. V. Genetic variation in root development responses to salt stresses of quinoa. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.206, n.5, p.538-547, 2020.

OLIVEIRA NETO, S. S. D.; RAMOS, A. R.; OLIVEIRA, C. E. D. S.; SILVA, E. A. A. D.; ZANOTTO, M. D. Divergência genética e qualidade fisiológica de sementes de linhagens de mamoneira anã. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.52, p.1-9, 2022.

PEREIRA, M. M.; COELHO, E. F. ; GONDIM FILHO, H. ; ALBUQUERQUE, H. Y. G. ; OLIVEIRA, F. E. R. . Atributos químicos do solo influenciados por sucessivas aplicações de frequências e doses de biofertilizante. In: Adamastor Pereira Barros et al.. (Org.). CIÊNCIAS AGRÁRIAS: INOVAÇÃO, TECNOLOGIA, DESENVOLVIMENTO E EXTENSÃO. 1 ed. Guarabira: GEPRA EDITORA E EVENTOS CIENTÍFICOS, 2021, v. Unico, p. 265-274.

PRINCE, S. J.; MUTAVA, R. N.; PEGORARO, C.; OLIVEIRA, A. C. D.; NGUYEN, H.T. **Root characters**. In: *Genomics and Breeding for Climate Resilient Crops*; Kole, C., Ed.; Springer: Berlin, Germany, 2013; p. 67-131.

PRUDHOMME, C.; GIUNTOLI, I.; ROBINSON, E. L.; CLARK, D. B.; ARNELL, N. W.; DANKERS, R.; WISSER, D. Hydrological droughts in the 21st century, hotspots and uncertainties from a global multimodel ensemble experiment. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.111, n.9, p.3262-3267, 2014.

R CORE TEAM (2023). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria**. URL <https://www.R-project.org/>.

REWALD, B.; EPHRATH, J. E.; RACHMILEVITCH, S. A root is a root is a root? Water uptake rates of Citrus root orders. **Plant, cell & environment**, v.34, n.1, p.33-42, 2011.

REYNOLDS, M.; LANGRIDGE, P. Physiological breeding. **Current Opinion in Plant Biology**, v.31, p.162-171, 2016.

RIBEIRO, S.; CHAVES, L. H. G.; GUERRA, H. O. C.; GHEYI, H. R.; LACERDA, R. D. Resposta da mamoneira cultivar BRS-188 Paraguaçu à aplicação de nitrogênio, fósforo e potássio. **Revista Ciência Agronômica**, v.40, p. 465-473,

2009.

RICHARD, C. A.; HICKEY, L. T.; FLETCHER, S.; JENNINGS, R.; CHENU, K.; CHRISTOPHER, J. T. High-throughput phenotyping of seminal root traits in wheat. **Plant Methods**, v.11, n.1, p.1-11, 2015.

ROBBINS, N. E.; DINNENY, J. R. The divining root: moisture-driven responses of roots at the micro-and macro-scale. **Journal of Experimental Botany**, v.66, n.8, p.2145-2154, 2015.

SILVA, V. **Divergência genética, interação g x e, adaptabilidade e estabilidade de linhagens elites e cultivares de mamoneira no estado da Bahia**. Orientador: Simone Silva Alves. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas-BA, 2016. Disponível em: [TESE PPGAGRA - VLADEMIR SILVA.pdf \(ufrb.edu.br\)](#), Acesso em: 11/06/2021.

SINCLAIR, T. R. **Limits to crop yield?** In *Physiology and Determination of Crop Yield*; Boote, K.J., Bennett, J.M., Sinclair, T.R., Paulsen, G.M., Eds.; American Society of Agronomy: Madison, WI, USA, 1994; p. 509-532.

STASOVSKI, E.; PETERSON, C. A. The effects of drought and subsequent rehydration on the structure and vitality of Zea mays seedling roots. **Canadian Journal of Botany**, v.69, n.6, p.1170-1178, 1991.

STEELE, K. A.; PREÇO, A. H.; WITCOMBE, J. R.; SHRESTHA, R.; SINGH, B. N.; GIBBONS, J. M.; VIRK, D. S. QTLs associated with root traits increase yield in upland rice when transferred through marker-assisted selection. **Theoretical and applied genetics**, v.126, p.101-108, 2013.

URBANAVIČIŪTĖ, I., BONFIGLIOLI, L., PAGNOTTA, M. A. Diversity in Root Architecture of Durum Wheat at Stem Elongation under Drought Stress. **Agronomy**, v.12, n.6, p.1-19, 2022.

WASEL, Y.; ESHEL, A. **Functional diversity of various constituents of a single root system**. In: *Plant Roots: The Hidden Half*, 3rd ed.; Waisel, Y., Eshel, A., Kafkafi, U., Eds.; Marcel Dekker: New York, NY, USA, 2002; p. 157–174.

WASSON, A. P.; RICHARDS, R. A.; CHATRATH, R.; MISRA, S. C.; PRASAD, S. V. S.; REBETZKE, G.J.; KIRKEGAARD, J.A.; CHRISTOPHER, J.; WATT, M. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. **Journal of experimental botany**, v.63, n.9, p.3485-3498, 2012.

ZHU, J.; INGRAM, P. A.; BENFEY, P. N.; ELICH, T. From lab to field, new approaches to phenotyping root system architecture. **Current opinion in plant biology**, v.14, n.3, p.310-317, 2011.

ARTIGO 3

AVALIAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA (*Ricinus communis* L.)

Avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de mamoneira (*Ricinus communis* L.)

Resumo: A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma importante oleaginosa que possui múltiplos usos industriais. O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 24 genótipos (cultivares e linhagens de mamoneira) em quatro ambientes (municípios de Alagoinhas-BA, Cruz das Almas-BA, Iraquara-BA e Irecê-BA). O delineamento experimental foi em blocos casualizados (DBC), com 24 genótipos (linhagens e cultivares) e quatro repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: Florescimento, estatura de planta, inserção do racemo primário, diâmetro do caule, número de entrenós, comprimento médio do entrenó, comprimento do racemo primário, número de frutos do racemo primário, número de sementes do racemo primário, peso do racemo primário, peso de fruto do racemo primário, peso de sementes do racemo primário, número de frutos por planta, número de sementes por planta, peso de frutos por planta, número de racemos comerciais, peso de sementes por planta, potencial produtivo e peso de cem sementes. Para avaliação da estabilidade e adaptabilidade foram usadas as metodologias AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction) e GGE (Genotype main effects and Genotype x Environment interaction effects) e o potencial produtivo. Cruz das Almas-BA foi o ambiente que mais contribuiu para interação genótipo x ambiente, enquanto os municípios de Alagoinhas-BA e Irecê-BA foram os que menos influenciaram a interação GxA pelos métodos AMMI e GGE, respectivamente. Os genótipos UFRB-258, UFRB-248, UFRB-93 UFRB-86 e UFRB-208, destacam-se como mais estáveis, combinando ampla adaptação e produtividade.

Palavras-chave: AMMI, GGE, rendimento de grãos.

Assessment of the adaptability and stability of castor bean (*Ricinus communis* L.) genotypes

Abstract: Castor bean (*Ricinus communis* L.) is an important oilseed that has multiple industrial uses. The objective of this work was to evaluate the adaptability and stability of 24 genotypes (cultivars and lineages of castor bean) in four environments (municipalities of Alagoinhas-BA, Cruz das Almas-BA, Iraquara-BA and Irecê-BA). The experimental design was in randomized blocks (DBC), with 24 genotypes (lines and cultivars) and four replications. The following characters were evaluated: flowering, plant height, primary raceme insertion, stem diameter, number of internodes, mean internode length, primary raceme length, number of fruits in the primary raceme, number of seeds in the primary raceme, weight primary raceme, primary raceme fruit weight, primary raceme seed weight, number of fruits per plant, number of seeds per plant, fruit weight per plant, number of commercial racemes, seed weight per plant, yield potential, weight of one hundred seeds. To evaluate the stability and adaptability, the AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) and GGE (Genotype main Effects and Genotype x Environment interactive Effects) methodologies and the productive potential were used. Cruz das Almas-BA was the environment that most contributed to genotype x environment interaction, while the municipalities of Alagoinhas-BA and Irecê-BA were the ones that least sustained the GxA interaction by the AMMI and GGE methods, respectively. The UFRB-258, UFRB-248, UFRB-93, UFRB-86 and UFRB-208 genotypes stand out as more stable, combining wide adaptation and productivity.

Keywords: AMMI, GGE, grain yield.

INTRODUÇÃO

A mamoneira, cientificamente conhecida como *Ricinus communis* L., é uma planta monóica de crescimento rápido pertencente à família Euphorbiaceae. Com 10 pares de cromossomos diplóides, foi domesticada há cerca de 3200 anos no centro de origem etíope. Embora suas sementes não sejam comestíveis, o óleo proveniente de suas sementes possui mais de 700 aplicações, sendo utilizado na medicina, cosméticos e como biocombustível. Também é empregado como adubo e método de controle orgânico de cupins na agricultura (RUKSHAR et al., 2017; XU et al., 2021)

Nas etapas finais de um programa de melhoramento genético, as linhagens mais promissoras são submetidas a ensaios conduzidos em diferentes ambientes, incluindo diferentes anos, locais e estações. Esses ensaios, chamados de ensaios multiambientes (MET), oferecem informações importantes sobre o desempenho dos genótipos nos ambientes em que se pretende recomendar uma cultivar. Os dados obtidos em um ensaio MET permitem analisar a interação genótipo-ambiente (GxA) e fazer previsões sobre o desempenho dos genótipos em outros ambientes. A avaliação dos materiais em diversas localidades é uma prática fundamental para garantir que as futuras cultivares possuam um desempenho conhecido e satisfatório (YAU, 1995; BURGUENO et al., 2011).

Estudos de adaptabilidade e estabilidade analisam a resposta dos genótipos a ambientes diversos. Adaptabilidade refere-se à capacidade de um genótipo se ajustar positivamente ao ambiente, enquanto a estabilidade está relacionada à consistência e previsibilidade do desempenho. Essas análises identificam genótipos com adaptabilidade ampla, destacando-se em diferentes ambientes, e adaptabilidade específica, com bom desempenho em ambientes favoráveis ou desfavoráveis. Ambientes favoráveis têm desempenho acima da média, enquanto ambientes desfavoráveis têm desempenho abaixo da média. (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL, 1966).

Vários métodos têm sido propostos para avaliar adaptabilidade e estabilidade, incluindo modelos de regressão linear e outras metodologias, como AMMI (Additive Main effect sand Multiplicative Interaction) e GGE biplot (Genotype main effect sand Genotype x Environment interaction effects) (GAUCH, 1992; VAN EEUWIJK et al., 2016). O potencial produtivo da mamoneira é

altamente afetado pelas condições ambientais, sendo necessário a avaliar a estabilidade e adaptabilidade desta cultura a fim de proporcionar aos agricultores de diferentes localidades maior segurança na produção desta cultura.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 24 genótipos (linhagens avançadas de mamoneira e parentais) em quatro ambientes diferentes do estado da Bahia.

MATERIAL E MÉTODOS

Localização e caracterização climática

O trabalho foi realizado na safra agrícola de 2014/2015 em quatro municípios do estado da Bahia: Alagoinhas, Cruz das Almas, Iraquara e Irecê. A instalação dos experimentos aconteceu no dia 04 e 07 de maio de 2014 em Cruz das Almas e Alagoinhas, respectivamente, e nos dias 16 e 17 de dezembro em Irecê e Iraquara, respectivamente. As principais características edafoclimáticas dos municípios são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Ambientes de condução dos experimentos com seus respectivos dados de coordenadas geográficas, clima predominante, altitude em relação ao nível do mar (Alt), temperatura (T) e precipitação média anual e tipos de solo.

SIGLA	Município	Coordenada	Clima	Alt (m)	T (°C)	P (mm)	Tipo de solo
ENV1	Alagoinhas	12°08'08" S; 38°25'08" O	Af ¹	186,94	24,9	1417,8	Argissolos Vermelho-Amarelos Distróficos ⁴
ENV2	Cruz das Almas	12°40'12" S; 39°06'07" O	Af ¹	209,54	24,8	1084,3	Latossolos Amarelos Distróficos ⁴
ENV3	Iraquara	12°14'56" S; 41°37'08" O	Aw ²	802,2	21,9	777,4	Latossolos Vermelhos Eutróficos ⁴
ENV4	Irecê	11°18'14" S; 41°51'21" O	BSh ³	757,29	22,5	608,5	Cambissolos Háplicos Ta Eutróficos ⁴

¹ Clima tropical chuvoso de floresta (equatorial); ² Clima de Savana (clima tropical com estação seca); ³ Clima quente de estepe (semiárido) conforme Alvares et al. (2013), ⁴ conforme Santos et al. (2018).

Delineamento experimental

O delineamento experimental foi em blocos casualizados (DBC), em esquema fatorial 24 x 4 sendo, vinte e quatro genótipos (linhagens e cultivares parentais), quatro ambientes com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída de uma única linha com seis plantas espaçadas de três metros entre linha e um metro entre plantas.

Material vegetal e tratos culturais

Foram avaliados 24 genótipos, sendo 20 linhagens provenientes do programa de melhoramento genético do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia-NBIO/UFRB e quatro parentais (Paraguaçu, MPA17; Nordestina e Sipeal-28), conforme a tabela 2.

Tabela 2 - Linhagens e parentais utilizados no experimento linhagens de mamoneira.

Sigla	Genótipo	Sigla	Genótipo
-------	----------	-------	----------

G1	PARAGUAÇU	G13	UFRB-160
G2	NORDESTINA	G14	UFRB-208
G3	MPA17	G15	UFRB-214
G4	SIPEAL-28	G16	UFRB-227
G5	UFRB-11	G17	UFRB-222
G6	UFRB-15	G18	UFRB-241
G7	UFRB-19	G19	UFRB-242
G8	UFRB-23	G20	UFRB-248
G9	UFRB-32	G21	UFRB-255
G10	UFRB-86	G22	UFRB-258
G11	UFRB-93	G23	UFRB-262
G12	UFRB-151	G24	UFRB-264

A correção do pH do solo e as adubações de plantio e de cobertura nas áreas experimentais foram realizadas com base na análise do solo de cada localidade e as Recomendações Para o Uso de Corretivos e Fertilizantes para o estado da Bahia (BORGES et al., 1989).

O desbaste, com finalidade de manter uma planta por cova foi feito aos quinze dias após emergência (DAE). As capinas foram periódicas com o objetivo de evitar a concorrência direta entre as plantas companheiras e as plantas de mamona.

O mofo cinzento, agente causal *Amphobotrysicini*, foi controlado por meio de aplicações do fungicida SUMILEX 500 WP, aos 90 e 120 DAE, na ordem de 80 g.ha⁻¹ por aplicação.

Variáveis avaliadas

- Florescimento (FLO) (dias) - Calculado pela subtração da data de florescimento pela data de germinação.
- Altura de planta (ALT) (cm) - Medida com auxílio de uma trena graduada em cm do solo até o ápice do ramo mais alto da planta.
- Inserção do racemo primário (IRP) (cm) - Medido com uma trena do solo até o ponto de inserção do primeiro racemo.
- Diâmetro do caule (DC) (cm) - Medido no terço médio do caule, utilizando um paquímetro digital.
- Número de entrenós (NE) - Obtido a partir da contagem do número de cicatrizes no caule.

- Comprimento médio do entrenó (CME) (cm) - Obtido pela relação NE/IRP.
- Comprimento do racemo primário (CRP) (cm) - Medido com uma régua do ápice do 1º racemo até a cicatriz do primeiro nó.
- Número de frutos do racemo primário (NFRP) - Obtido a partir da contagem dos frutos do primeiro racemo.
- Número de frutos por planta (NFP) - Obtido pela média da contagem do número de frutos dos quatro primeiros racemos.
- Número de sementes do racemo primário (NSRP) - Obtido a partir da contagem do número de sementes do primeiro racemo.
- Número de sementes por planta (NSP) - Obtido pela média da contagem do número de sementes dos quatro primeiros racemos.
- Peso de fruto do racemo primário (PFRP) (g) - Peso do primeiro racemo obtido utilizando-se uma balança analítica.
- Peso de frutos por planta (PFP) (g) - Obtido pela média do peso dos frutos dos quatro primeiros racemos utilizando-se balança analítica.
- Peso de sementes por planta (PSP) (g) - Média do peso das sementes dos quatro primeiros racemos, utilizando uma balança analítica.
- Peso de sementes do racemo primário (PSRP) (g) - Peso das sementes do primeiro racemo, utilizando uma balança analítica.
- Peso de cem sementes (PCEM) - Determinado pelo método da estufa a 105 °C, e utilização de uma regra de três simples para determinar o peso de 100 sementes a 9% de umidade.
- Potencial produtivo (PP) (kg ha⁻¹) - Calculado utilizando-se a seguinte da equação 1:

$$PP = \frac{\frac{PSP \times 10000}{A_p}}{1000} \quad \text{Eq. (1)}$$

em que,

A_p: Área ocupada por uma planta (m²).

Análise estatística

Após a obtenção dos resultados de PP, foi realizada a análise de variância conjunta, obtendo-se informação única para interpretações. Após a verificação da existência de interação GxE (teste F significativo) pela análise de variância

conjunta, procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pela metodologia AMMI (ZOBEL et al., 1988) e GGEBiplot (YAN et al., 2000).

A avaliação feita pela metodologia GGEBiplot (YAN et al., 2000) é embasada no seguinte modelo:

$$Y_{ij} - y_j = y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad \text{Eq.(2)}$$

Em que,

Y_{ij} = representa o rendimento médio da i -ésima população no j -ésimo ambiente;

y_j = média geral das populações no ambiente j ;

$y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1}$ = primeiro componente principal (IPCA1);

$y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2}$ = segundo componente principal (IPCA2);

y_1, y_2 = são os autovalores associados ao IPCA1 e IPCA2, respectivamente;

ε_{i1} e ε_{i2} = são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, da i -ésima população;

ρ_{j1} e ρ_{j2} = escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para o j -ésimo ambiente;

ε_{ij} = erro do modelo associado com a i -ésima população e j -ésimo ambiente (YAN; KANG, 2002).

A avaliação feita pelo modelo AMMI (ZOBEL et al., 1988) seguindo o modelo descrito por Duarte e Vencovsky (1999):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad \text{Eq. (3)}$$

Em que,

Y_{ij} = resposta média do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, G$ genótipos) no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, A$ ambientes);

μ = média geral dos ensaios;

g_i = efeito fixo do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$);

a_j = efeito aleatório do ambiente j ($j=1, 2, \dots, a$). A interação GxE é moderada pelos fatores: λ_k que é o valor singular do k -ésimo componente principal da interação (IPCA), ($k = 1, 2, \dots, p$, em que p é o número máximo de componentes principais estimáveis);

γ_{jk} = valor singular do j -ésimo ambiente no k -ésimo IPCA;

α_{ik} = valor singular do i -ésimo genótipo no k -ésimo IPCA;

k = raízes características não nulas, $k = [1, 2, \dots, \min (g-1, e-1)]$.

O item ρ é o resíduo da interação G x E ou resíduo AMMI (ruído presente nos dados); e ϵ é o erro experimental médio, assumido independentemente.

A análise de variância conjunta, bem como as análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas utilizando o pacote *metan* pertencente ao programa computacional R (OLIVOTO; LUCIO, 2020). As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R CORE TEAM, 2023).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta registrou diferença significativa ($p < 0,01$), com exceção de racemos comerciais, em relação aos genótipos para todas as características avaliadas (Tabela 3). O peso de cem sementes (PCEM) apresentou a maior variância em relação à variabilidade geral (G + E + GEI) (76,57%), seguido pelo florescimento (FLO) (50,62%), número de entrenós (NE) (41,46%) por planta (15,86%) e inserção de racemo primário (IRP) (25,79%) (Tabela 3).

Os ambientes apresentaram diferença significativa para todas as variáveis ($p < 0,01$) e maior variação em relação a altura de planta (ALT) (83,08%), peso de fruto por planta (PFP) (62,80%), potencial produtivo (PP) (59,42%), peso de semente por planta (PSP) (59,04%), número de semente por planta (NSP) (52,35%), número de frutos por planta (NFP) (49,85%), peso do racemo primário (PRPR) (37,45%), inserção do racemo primário (IRP) (32,04%) e peso de semente de racemo primário (PSRP) (31,74%).

No presente estudo, o PP mostrou considerável interação genótipo-ambiente na análise conjunta de variância, indicando a necessidade de avaliação mais detalhada da estabilidade dos genótipos. Patel et al. (2015) encontraram resultados semelhantes para a análise conjunta de variância de todas as características e sugeriram realizar a análise de estabilidade de todos os caracteres por meio do modelo de Eberhart e Russell (1966).

O PP médio foi de 702,8 kg ha⁻¹ ao longo dos ambientes, com variação de 182,8 kg ha⁻¹ (Irecê-BA) a 1182,2 kg ha⁻¹ (Cruz das Almas-BA).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para o potencial produtivo e demais caracteres avaliados em linhagens e parentais da cultura da mamona cultivadas em quatro ambientes.

FV Variável	Ambiente (GL:3)		Genótipos (GL:23)		GEI (GL:69)		Erro (GL:276)		CV (%)
	Quadrado médio	% (G + E + GEI)	Quadrado médio	% (G + E + GEI)	Quadrado médio	% (G + E + GEI)	Quadrado médio		
FLO	1022,29**	0,25	273,92**	0,51	17,62**	0,10	6,20	4,40	
ALT	707099,81**	0,83	4397,42**	0,04	1629,69**	0,04	545,17	14,59	
IRP	21090,96**	0,32	2214,45**	0,26	405,96**	0,14	176,95	19,28	
DC	177,37**	0,40	2,49*	0,04	1,9 ^{ns}	0,10	2,00	37,67	
NE	103,51**	0,12	47,42**	0,41	5,56**	0,15	2,59	10,80	
CME	115,51**	0,45	2,73**	0,08	1,44**	0,13	0,80	19,07	
CRP	2583,96**	0,27	121,95**	0,10	61,06 ^{ns}	0,15	47,46	32,51	
NFRP	1035,43**	0,06	478,69**	0,20	153,47**	0,20	94,40	33,11	
NSRP	11190,45**	0,08	3988,43**	0,22	1213,44**	0,20	703,50	30,31	
PRPR	66448,91**	0,37	2780,43**	0,12	885,45 ^{ns}	0,11	690,04	27,94	
PFPR	39278,34**	0,29	2156,4**	0,12	868,53**	0,15	603,43	28,86	
PSRP	18480,65**	0,32	1037,26**	0,14	296,23 ^{ns}	0,12	244,41	27,99	
NFP	464578,21**	0,50	16178,79**	0,13	7436,77**	0,18	1780,92	35,66	
NSP	9709,26**	0,52	142648,32**	0,12	68082,41**	0,17	16063,52	34,68	
PFP	5355177,94**	0,63	71687,6**	0,06	57891,9**	0,16	13239,03	33,86	
NRC	3224,94**	0,30	52,21 ^{ns}	0,04	80,52**	0,17	56,67	89,29	
PSP	1922450,46**	0,59	36779,37**	0,09	25068,56**	0,18	4805,52	32,72	
PP	21557416,08**	0,59	400651,53**	0,08	282326,07**	0,18	51947,96	32,43	
PCEM	1700,18**	0,15	1130,15**	0,77	23,48**	0,05	4,09	3,36	

FLO = Florescimento; ALT = Altura de planta; IRP = Inserção do racemo primário; DC = Diâmetro do caule; NE = Número de entrenós; CME = Comprimento médio do entrenó; CRP = Comprimento do racemo primário; NFRP = Número de frutos do racemo primário; NSRP = Número de sementes do racemo primário; PRPR = Peso do racemo primário; PFRP = Peso de fruto do racemo primário; PSRP = Peso de sementes do racemo primário; NFP = Número de frutos por planta; NSP = Número de sementes por planta; PFP = Peso de frutos por planta; NRC = Número de racemos comerciais; PSP = Peso de sementes por planta; PP = Potencial produtivo, PCEM = Peso de cem sementes.

As médias das outras características estudadas nos diferentes ambientes (Tabela 4), foram de 4,7cm (CME), 21,2 cm (CRP), 3,8 cm (DC), 160,1 cm (EST), 56,6 dias (FLO), 69,0 (IRP), 14,9 (NE), 118,3 (NFP), 29,3 (NFRP), 8,4 (NRC), 365,5 (NSP), 87,5 (NSRP), 60,2 g (PCEM), 339,8 g (PFP), 85,1g (PFRP), 94,0 g (PRPR), 211,9 g (PSP) e 55,9 g (PSRP) e o boxplot (Figura 1) representa a média dos caracteres em cada ambiente. Movaliya et al. (2018) e Akhila et al. (2022) relataram médias e faixas semelhantes para diferentes características. Chaudhari

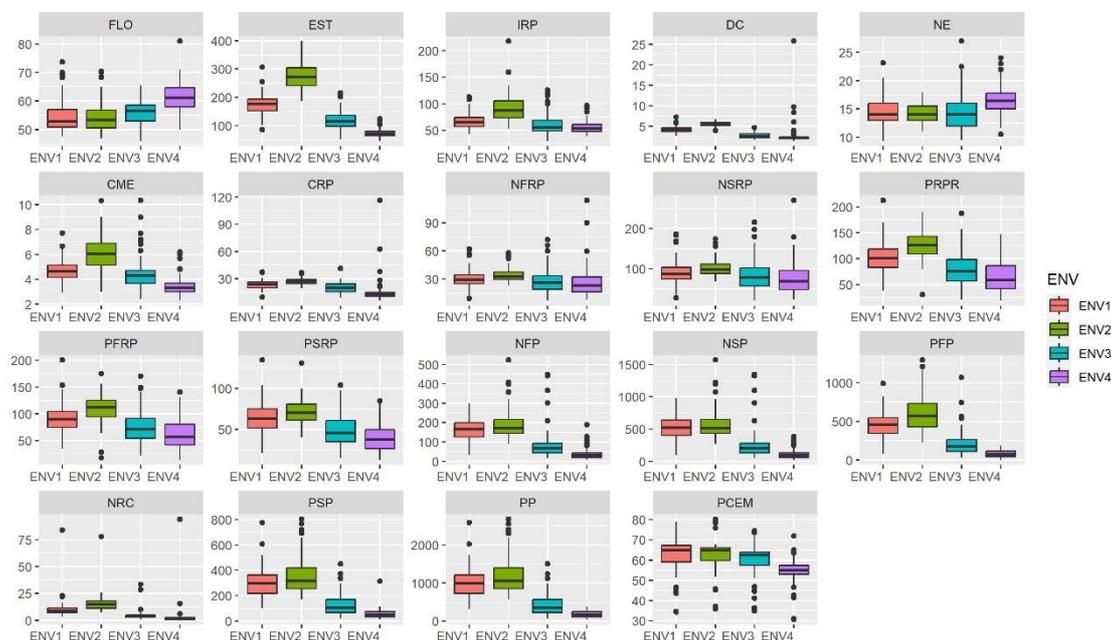
et al. (2019) também relataram resultados semelhantes para as mesmas características avaliando 26 genótipos de mamoneira. Os autores sugeriram que a diversidade observada entre todos os genótipos para todas as características pode ser resultado da capacidade diferencial dos genótipos de mamona e da interação variável dos genes com a mudança de ambiente (CHAUDHARI et al., 2019).

Tabela 4. Valores médio e amplitude de caracteres de linhagens e parentais de mamoneira avaliados em quatro ambientes.

Variável	Alagoínhas-BA			Cruz das Almas-BA			Iraquara-BA			Irecê-BA			Média ambientes
	Média	Máx	Min	Média	Máx	Min	Média	Máx	Min	Média	Máx	Min	
CME	4,7	7,7	2,9	6,1	10,3	3,0	4,5	10,3	2,4	3,4	6,2	2,3	4,7
CRP	23,3	37,4	9,7	26,8	37,0	19,5	20,1	41,2	9,3	14,6	116,1	6,1	21,2
DC	4,2	7,2	2,7	5,5	6,7	3,9	2,8	4,7	1,7	2,6	25,8	1,4	3,8
EST	175,0	306,0	86,0	272,5	398,5	186,0	120,2	215,5	52,0	72,7	124,5	46,0	160,1
FLO	54,5	73,7	47,7	54,5	70,5	47,0	55,9	65,5	46,0	61,4	81,0	50,0	56,6
IRP	67,7	113,0	42,3	90,0	218,0	52,5	62,4	126,0	30,0	55,9	96,5	39,0	69,0
NE	14,5	23,2	9,3	14,2	18,0	11,0	14,4	27,0	9,5	16,5	24,0	10,5	14,9
NFP	161,6	299,5	31,5	189,4	524,0	90,5	84,2	449,3	14,0	38,1	189,0	7,5	118,3
NFRP	30,0	62,0	9,0	33,6	58,0	22,5	27,9	72,0	7,0	25,9	114,0	7,5	29,3
NRC	10,4	84,0	3,0	15,7	78,0	7,0	4,8	33,5	1,0	2,9	93,9	1,0	8,4
NSP	531,1	980,0	94,5	568,2	1572,0	271,5	252,7	1347,9	42,0	109,9	381,0	22,5	365,5
NSRP	90,0	186,0	27,0	100,7	174,0	67,5	84,4	216,0	21,0	74,9	270,0	22,5	87,5
PCEM	63,0	79,0	34,2	63,4	80,2	35,9	60,2	74,6	35,0	54,3	71,8	30,7	60,2
PFP	461,0	987,7	81,2	604,6	1293,5	232,0	210,1	1066,3	30,8	83,5	186,6	3,0	339,8
PFRP	92,1	200,8	34,1	109,8	175,1	17,5	75,4	170,5	22,1	63,3	140,8	13,7	85,1
PP	1007,8	2588,3	325,1	1189,2	2669,7	573,5	431,3	1499,0	68,4	182,8	382,7	48,8	702,8
PRPR	103,2	212,2	38,8	126,2	191,1	31,0	80,7	187,5	21,3	66,0	147,3	19,6	94,0
PSP	303,8	776,5	102,4	356,8	800,9	172,1	129,4	449,7	20,5	57,5	313,0	14,7	211,9
PSRP	63,5	134,9	21,1	70,8	131,3	40,2	49,1	103,9	14,4	40,1	84,7	12,6	55,9

CME = Comprimento médio do entrenó; CRP = Comprimento do racemo primário; DC = Diâmetro do caule; ALT = Altura de planta; FLO = Dias para florescimento; IRP = Inserção do racemo primário; NE = Número de entrenós; NFP = Número de frutos por planta; NFRP = Número de frutos do racemo primário; NRC = Número de racemos comerciais; NSP = Número de sementes por planta; NSRP = Número de sementes do racemo primário; PCEM = Peso de cem sementes; PFP = Peso de frutos por planta; PFRP = Peso de fruto do racemo primário; PP = Potencial produtivo, PRPR = Peso do racemo primário; PSP = Peso de sementes por planta e PSRP = Peso de sementes do racemo primário.

Figura 1. Boxplot com apresentação da performance média dos caracteres avaliados em quatro ambientes (ENV1 = Alagoinhas-BA, ENV2 = Cruz das Almas-BA, ENV3 = Iraquara-BA, ENV4 = Irecê-BA) de linhagens avançadas e parentais de mamoneira.



7

FLO = Florescimento; EST = Estatura de planta; IRP = Inserção do racemo primário; DC = Diâmetro do caule; NE = Número de entrenós; CME = Comprimento médio do entrenó; CRP = Comprimento do racemo primário; NFRP; Número de frutos do racemo primário; NSRP = Número de sementes do racemo primário; PRPR = Peso do racemo primário; PFRP = Peso de fruto do racemo primário; PSRP = Peso de sementes do racemo primário; NFP = Número de frutos por planta; NSP = Número de sementes por planta; PFP = Peso de frutos por planta; NRC = Número de racemos comerciais; PSP = Peso de sementes por planta; PP = Potencial produtivo; PCEM = Peso de cem sementes.

Análise da interação genótipo x ambiente (AMMI)

A análise AMMI (Additive Main Effect sand Multiplicative Interaction) para o rendimento de sementes revelou diferença significativa para o componente aditivo da soma total de quadrados fornecida pela influência genotípica (7,18%), efeito de interação GEI (11,09%) e ambiente (50,40%) (Tabela 5). Os resultados indicaram que a modificação das condições ambientais teve um efeito significativo sobre o potencial produtivo de sementes das linhagens e parentais de mamoneira. Chaudhari et al. (2019) encontraram resultados semelhantes para produtividade de sementes de mamona. O modelo AMMI separa o efeito G x A em dois componentes de interação conhecidos como efeito multiplicativo, que foi revelado usando análise de componentes principais (EBDON; GAUCH, 2002). Conforme

Yan et al. (2001), os impactos fortes da interação GxA diminuem o ganho para características quantitativas, como potencial produtivo de sementes, mas no presente estudo, sua proporção foi considerada como média a baixa, o que oferece potencial para o melhoramento no potencial produtivo de sementes em uma ampla variedade de ambientes.

Tabela 5. Análise de variância baseada no modelo AMMI para o potencial produtivo de sementes de sementes de linhagens e parentais de mamoneira cultivadas em três ambientes.

FV	GL	SQ	QM	Varição total explicada(%)	Contribuição para GxA (%)
Ambiente (A)	3	64672248,23	21557416,08**	50,40	-
Bloco (A)	12	1133622,59	94468,55**	-	-
Genótipo (G)	23	9214985,24	400651,53**	7,18	-
GxA	69	19480498,68	282326,07**	15,18	-
PC1	25	15334243,27	613369,73**	-	78,7
PC2	23	3468116,26	150787,66**	-	17,8
Erro	276	14337636,65	51947,96	-	-
Total	452	128319490,07	283892,68	-	-

FV = Fonte de variação; GL = Graus de liberdade; SQ = Soma de quadrado; QM = Quadrado médio; PC = Componente principal; ** significativo a 0,01.

Dois biplots foram utilizados para representar o potencial dos genótipos para o potencial produtivo de sementes, a correlação com os ambientes e a estabilidade dos genótipos. O biplot AMMI I foi criado apresentando a média potencial produtivo de sementes em diferentes ambientes no eixo X, conhecido como efeitos principais, e o escore PC1 no eixo Y, que representa os efeitos multiplicativos (Figura 2).

A G x A foi significativa com 11,09% de variação, que foi subdividida em dois componentes principais interativos (PC1 e PC2) que explicaram 78,7% e 17,8% da variação interativa, respectivamente (Tabela 5). O posicionamento do ambiente ENV1 (Alagoinhas-BA) associado a um maior comprimento de vetor, indica que este seja o ambiente menos interativo, enquanto que ENV2 (Cruz das Almas-BA), ENV3 (Iraquara-BA) e ENV4 (Irecê-BA) representam ambientes altamente interativos. As cidades de Alagoinhas e Cruz das Almas ficaram posicionadas à direita da linha média de PP, o que indica que esses ambientes

são mais favoráveis para um alto PP, enquanto Iraquara e Irecê ficaram à esquerda indicando-os como ambientes desfavoráveis para PP (Figura 2).

A interpretação de um biplot quanto à interação G×A é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o(s) eixo(s) de interação. Assim, escores nulos no eixo são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-os como estáveis (EBDON; GAUCH, 2002).

Conforme verificado na figura 2, o genótipo que menos contribuiu para a interação G×A, captada pelo primeiro eixo (PC1), foi o G22 (UFRB-258). Neste sentido, posicionamento próximo a origem de ENV1 (Alagoinhas), com menor vetor, sugere que este ambiente seja menos instável, enquanto que ENV2 (Cruz das Almas), ENV3 (Iraquara) e ENV4 (Irecê) apresentavam-se posicionados mais distantes da origem e com vetores mais longos, fato que indica que são ambientes altamente interativos. Estes resultados são confirmados no biplot AMMI2 (Figura 3). Em um biplot AMMI2, genótipos e ambientes estáveis (com pequena contribuição para a $SQ_{G \times A}$) são aqueles cujos pontos situam-se próximos à origem, ou seja, com escores praticamente nulos para os dois eixos de interação (PC1 e PC2).

A estabilidade avaliada é um indicativo de suas respectivas amplitudes adaptativas, ou seja, genótipos estáveis mostraram-se amplamente adaptados aos ambientes de teste. Entretanto, para fins de recomendação de cultivares, genótipos estáveis devem também apresentar uma performance desejável, o que é avaliado através de suas médias (efeitos principais). Assim, entre os genótipos testados, de acordo (Figura 2), destaca-se o G22 (UFRB-258). Na figura 3 confirma-se o G22 (UFRB-258) como mais estável, embora o mesmo apresente o oitavo maior potencial produtivo ($748,76 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$).

Desta forma, para este conjunto de dados, altas produtividades médias parecem estar associadas a adaptações específicas. Por exemplo, os genótipos G8 (UFRB-23) e G10 (UFRB-86) são adaptados ao ambiente ENV2 (Cruz das Almas) (Figura 3) e apresentam, respectivamente, a primeira e a segunda maior média em produtividade ($974,05$ e $967,09 \text{ kg ha}^{-1}$).

Ainda em relação às adaptações específicas dos genótipos nos ambientes, verifica-se que os genótipos G1 (Paraguaçu), G2 (Nordestina), G3 (MPA17), G6 (UFRB-15), G9 (UFRB-32), G12 (UFRB-151), G13 (UFRB-160) e G16 (UFRB-

227) foram mais adaptados aos ambientes ENV3 (Iraquara) e ENV4 (Irecê) apresentando valores de potencial produtivo abaixo do valor médio. Observa-se que esses ambientes são muito similares (Figuras 2 e 3) sendo possível, assim, substituir um desses locais por outro mais representativo da região, onde seriam feitas recomendações de cultivares. A análise AMMI pode ser usada eficientemente na identificação de condições ambientais superiores para exploração agrícola (seleção de locais de teste) e genótipos de performance média superior (YAN et al., 2007; GAUCH et al., 2008).

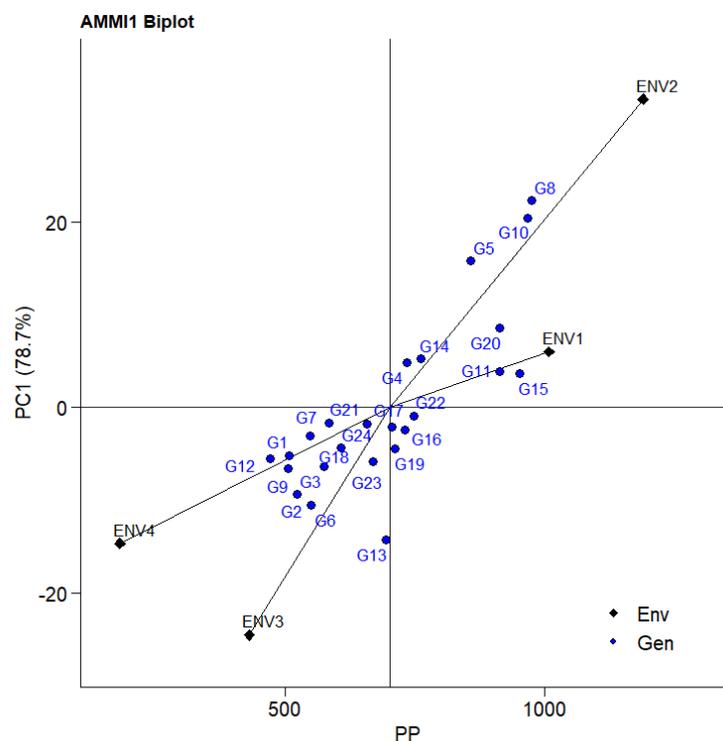


Figura 2. Biplot AMMI1 para o potencial produtivo (kg ha^{-1}) para 24 genótipos de mamoneira (G) e quatro ambientes (ENV): 1 - Alagoinhas-BA; 2 - Cruz das Almas-BA; 3 - Iraquara-BA e 4 - Irecê-BA.

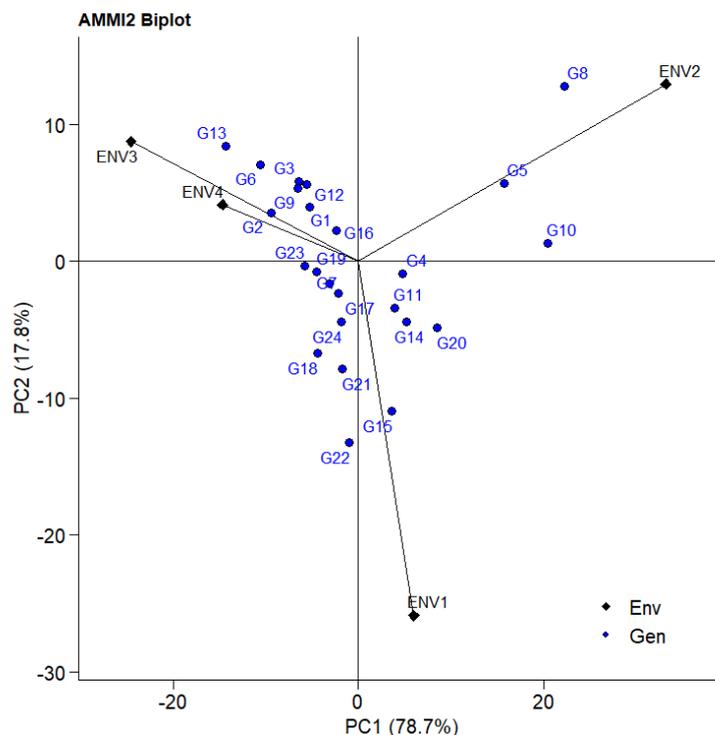


Figura 3. Biplot AMMI2 para o potencial produtivo (kg ha^{-1}) para 24 genótipos de mamoneira (G) e quatro ambientes (ENV): 1 - Alagoínhas-BA; 2 - Cruz das Almas-BA; 3 - Iraquara-BA e 4- Irecê-BA.

Análise da interação genótipo x ambiente (GGE Biplot)

Através do GGE biplot, pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos vencedores. Na figura 4 é representada uma opção gráfica da técnica GGE Biplot denominada “quem venceu onde” (*Wich-won-where*), que apresenta o agrupamento visual dos ambientes de teste com base em cruzamento G x A entre os melhores genótipos. Os vértices do polígono são formados pelos genótipos: G8 (UFRB-23), G10 (UFRB-86), G15 (UFRB-214), G22 (UFRB-258), G13 (UFRB-160), G6 (UFRB-15) e G12 (UFRB-151). Os genótipos G8 (UFRB-23) e G10 (UFRB-86) são os vértices do setor em que o ENV2 (Cruz das Almas-BA) é colocado, portanto, são os genótipos que tiveram melhor desempenho neste ambiente; a exemplo dos genótipos G15 (UFRB-214) e G22 (UFRB-258) no ENV1 (Alagoínhas-BA).

Os quatro ambientes foram separados em três grupos pelas linhas que saíram da origem do biplot. Os grupos foram: i) ENV3 e ENV4 (Iraquara e Irecê), ii) ENV1 (Alagoínhas) e iii) ENV2 (Cruz das Almas). Assim sendo, considerando o resultado da estratificação ambiental feita a partir do método GGE, seria

necessária a avaliação em apenas três ambientes para se explicar, aproximadamente, a mesma proporção da interação G x E, sendo eles os ambientes ENV2, ENV1 e um representante do grupo 1.

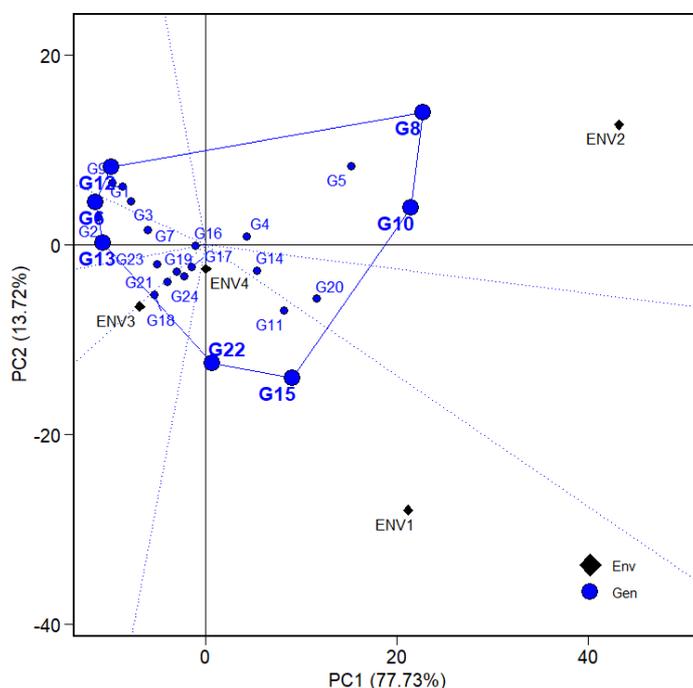


Figura 4. GGE Biplot “which won where” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.

Na figura 5 é representado o gráfico, “Mean vs. Stability” (média versus estabilidade) onde é possível avaliar tanto o rendimento produtivo, quanto sua estabilidade. Na figura os genótipos mais distantes do eixo y em direção à direita são os mais produtivos, assim sendo, os genótipos G10 (UFRB-86), G8 (UFRB-23), G15 (UFRB-214), G20 (UFRB-248), G11 (UFRB-93) e G5 (UFRB-11) seguidos de G14 (UFRB-208), G22 (UFRB-258) e G4 (Sipeal-28). Já os menos produtivos foram G12 (UFRB-151), G9 (UFRB-32), G1 (PARAGUAÇU), G2 (NORDESTINA), G7 (UFRB-19), G6 (UFRB-15), G3 (MPA17), G21 (UFRB-255), G18 (UFRB-241), G24 (UFRB-264), G23 (UFRB-262), G13 (UFRB-160), G17 (UFRB-222), G19 (UFRB-242) e G16 (UFRB-227). Quanto à estabilidade, os genótipos menos estáveis são aqueles que têm as maiores distâncias do eixo horizontal. Dessa forma, G10 (UFRB-86), G8 (UFRB-23), G5 (UFRB-11), G22 (UFRB-258) e G15 (UFRB-214) constituem-se os mais instáveis, enquanto G20 (UFRB-248), G11 (UFRB-93), G14 (UFRB-208) e G4 (SIPEAL-28) os mais estáveis.

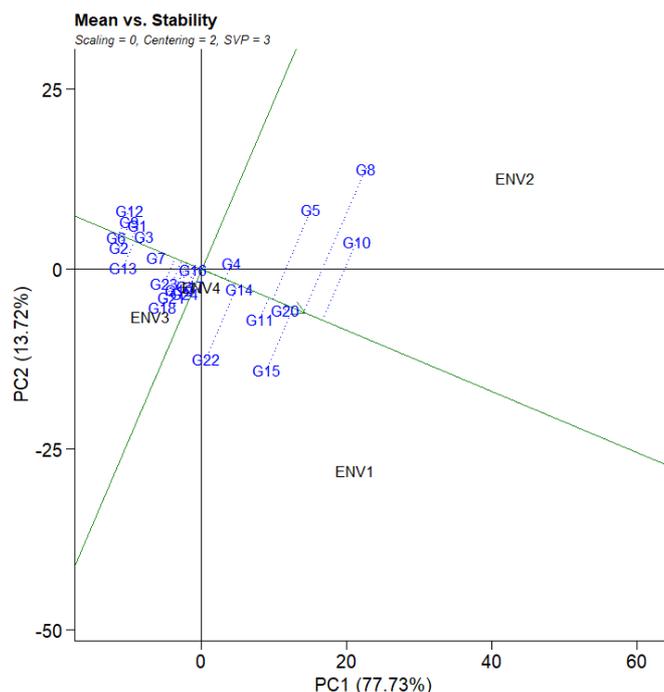


Figura 5. GGE Biplot “Mean vs. Stability” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.

Na figura 6, intitulada “ranking genotypes” (classificação dos genótipos), o círculo central representa o genótipo ideal, caracterizado por alta produtividade, boa adaptabilidade e estabilidade nos ambientes testados. Considerando ambos os parâmetros em conjunto, os genótipos que apresentaram tanto alto valor produtivo, quanto boa adaptabilidade e estabilidade foram G20 (UFRB-248) e G11 (UFRB-93), seguidos por G10 (UFRB-86) e G14 (UFRB-208). Por outro lado, os genótipos menos estáveis e produtivos foram G12 (UFRB-151), G9 (UFRB-32) e G1 (PARAGUAÇU).

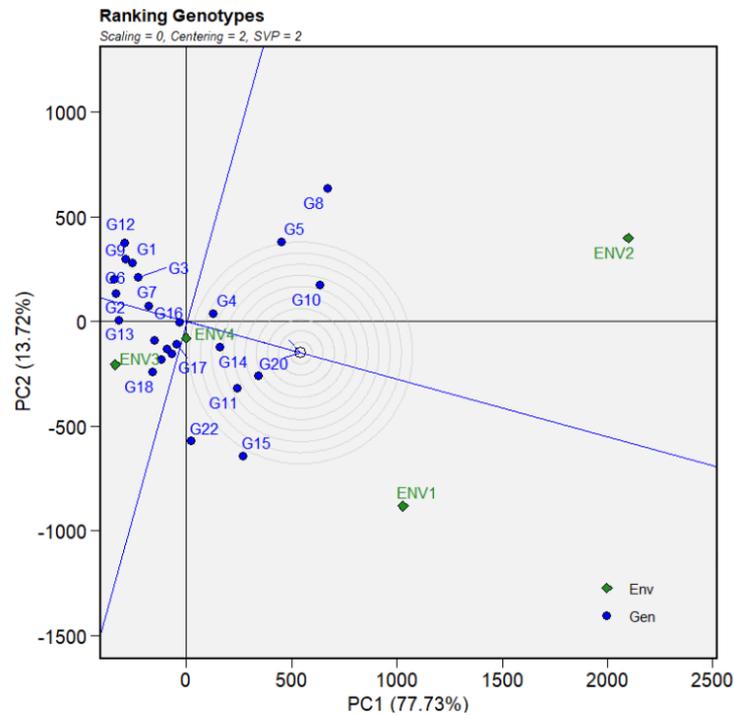


Figura 6. GGE Biplot "Ranking of Genotypes" para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.

O método gráfico GGE Biplot, conhecido como "Discriminante versus Representante" (Discriminative vs. Representativeness), foi utilizado para analisar a relação entre os ambientes (Figura 7). A distância do centro do gráfico até cada ambiente indica sua capacidade de discriminar as linhagens, sendo que quanto mais próximo ao eixo, mais representativo ele é. Os ambientes ENV1 (Alagoinhas) e ENV2 (Cruz das Almas) demonstraram maior capacidade de discriminação. Entre esses ambientes, o ENV1 (Alagoinhas) se destacou como o mais representativo e discriminante, pois está próximo ao eixo e possui um dos maiores vetores.

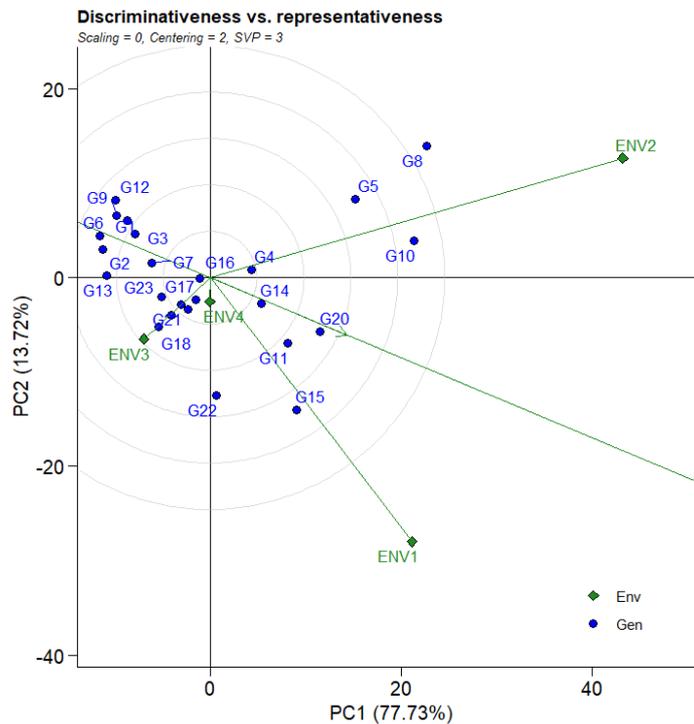


Figura 7. GGE Biplot “Discriminativeness vs. representativeness” para os dados de potencial produtivo de 24 genótipos de mamoneira em quatro ambientes.

Em relação à proporção da captura da interação GxA nos dois primeiros eixos, foi observada uma ligeira superioridade da técnica AMMI (78,7 %) em comparação com a análise GEE (77,73 %). Na literatura, vários estudos utilizam essa diferença para classificar as técnicas, considerando uma superioridade sobre a outra. Yan et al. (2007), Garbuglio (2010) e Oliveira et al. (2010) destacaram a superioridade da técnica GGE Biplot em relação ao AMMI.

A representação gráfica do GGE agrupa os ambientes com base nos vértices de um polígono, resultando em três grupos distintos. Por sua vez, o método AMMI agrupa os ambientes com base nos ângulos das retas que conectam o centro do gráfico aos ambientes, também formando três grupos. O método GGE oferece uma visualização mais clara dos mega-ambientes, facilitando a interpretação direta dos resultados. No entanto, o AMMI apresenta uma maior subjetividade na formação dos agrupamentos.

O genótipo 22 (UFRB-258) apresentou maior estabilidade pelo método AMMI e o 20 (UFRB-248) pelo método GGE. A representação gráfica 'Ranking Genotypes' da metodologia GGE ofereceu uma classificação mais direta dos melhores genótipos em comparação com a interpretação visual realizada na AMMI. Essa representação gráfica do GGE permitiu uma avaliação objetiva e

precisa do desempenho dos genótipos, facilitando a identificação dos melhores em termos de adaptabilidade e estabilidade. Por outro lado, a interpretação visual na AMMI pode ser mais subjetiva e menos conclusiva na classificação dos genótipos.

Outra possibilidade para o melhorista é selecionar indivíduos com adaptabilidade específica a um ambiente ou grupo de ambientes correlacionados. No entanto, a metodologia AMMI apresenta maior dificuldade em realizar essa dedução. Somente quando a proximidade dos genótipos com os ambientes é muito clara, essa recomendação pode ser feita de forma mais precisa. Por outro lado, a metodologia GGE apresenta facilidade em obter essa informação por meio da representação gráfica 'quem vence onde'. Essa variação gráfica permite uma visualização clara das relações dos genótipos com um ambiente específico ou grupo deles, facilitando a identificação dos indivíduos com adaptabilidade desejada.

CONCLUSÕES

1 - O ambiente ENV2 (Cruz das Almas) é o que mais contribui para a interação G x A, enquanto o ambiente ENV4 (Irecê) foi o que menos influenciou na interação GxA;

2 - Os genótipos G22 (UFRB-258), G20(UFRB-248), G11 (UFRB-93) G10 (UFRB-86) e G14 (UFRB-208), destacam-se como mais estáveis, combinando ampla adaptação e produtividade;

3 - Os ambientes ENV3 (Iraquara) e ENV4 (Irecê) podem ser agrupados em um único mega-ambiente de avaliação.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante dos resultados obtidos, fica evidente a importância da busca por cultivares de mamoneira mais adaptadas às condições adversas do semiárido nordestino, como o déficit hídrico. A identificação de linhagens tolerantes ao estresse hídrico, como as destacadas neste estudo, como UFRB-62, UFRB-184, UFRB-224, UFRB-80, UFRB-5, UFRB-2 e UFRB-130, é fundamental para garantir a sustentabilidade da produção de mamona nessa região. Além disso, os

resultados relacionados à arquitetura radicular indicam que características como o comprimento total de raiz e o comprimento de raiz de diâmetro de 0-5 mm podem ser utilizadas como marcadores precoces de tolerância ao déficit hídrico, facilitando a seleção de cultivares mais adaptadas. A análise de adaptabilidade e estabilidade também se mostra relevante, destacando linhagens como UFRB-258, UFRB-248, UFRB-93 e UFRB-86 como promissoras para cultivo em diferentes ambientes. Esses resultados contribuem significativamente para o avanço dos programas de melhoramento genético da mamoneira, visando aumentar a produtividade e a sustentabilidade da cultura no Brasil.

REFERÊNCIAS

- AKHILA, S. R.; KUMAR, S.; SAKURE, A. A.; PATEL, D. A.; PATEL, M. P. Integration of morpho-physico-biochemical traits with SSR and SRAP markers for characterization of castor genotypes of Indian origin. **Oil Crop Science**, v.7, n.1, p.22-30, 2022.
- BORGES, A. L.; CARVALHO, E. G. L.; GOMES, J. C.; NETO, J. C. C.; PEREIRA, J. R.; SOUZA, L. F. S; SANTANA, M. B. M; **Manual de adubação e calagem para o Estado da Bahia**. rev. aument. Salvador: CEPLAC. EMATERBA/EMBRAPA/EPABA/NITROFÉRTIL, 1989. 176p.
- BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; COTES, J. M.; VICENTE, F. S.; DAS, B. Prediction assessment of linear mixed models for multienvironment trials. **Crop Science**, v.51, n.3, p.944-954, 2011.
- CHAUDARI, B. A.; PATEL, M. P.; SONI, N. V.; PATEL, A. M.; MAKWANA, A. B.; PATEL, A. B. Genotype x Environment Interactions and Stability Analysis for Seed Yield and Yield Attributing Characters in Castor (*Ricinus communis* L.). **International Journal of Current Microbiology Applied Science**, v.8, n.5, p.2475-2481, 2019.
- EBDON, J. S.; GAUCH JR, H. G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interpretation of genotype x environment interaction. **Crop science**, v.42, n.2, p.489-496, 2002.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability Parameters for Comparing Varieties1. **Crop Science**., v.36, n.6, p.36-40, 1966.
- EBERHART, S. A; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties 1. **Crop science**, v.6, n.1, p 36-40, 1966.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian journal of agricultural research**, v.14, n.6, p.742-754, 1963.

GARBUGLIO, D. D. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 105 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. 1st ed., Ithaca, Nova York: Elsevier; 1992.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P. E; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop science**, v.48, n.3, p.866–889, 2008.

MOVALIYA, H. M.; CHOVIATIA, V. P.; MADARIYA, R. B.; MUNGALA, R. A.; PIPALIYA, H. R.; BHUVA, S. K. Study of variability and correlation for seed yield and its attributes in castor (*Ricinus communis* L.). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v.7, n.2, p.1474-1477, 2018.

OLIVEIRA, R. L. D.; VON PINHO, R. G.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D. V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, n.3, p.247-253, 2010.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, n.6, p.783-789, 2020.

PATEL, C. M.; PATEL, J. M.; PATEL, C. J. Gene-Environment interaction and stability analysis for yield and yield determinant traits in Castor (*Ricinus communis* L.). **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science**, v.8, n.6, p.68-72, 2015.

PEREIRA, M. M.; COELHO, E. F. ; GONDIM FILHO, H. ; ALBUQUERQUE, H. Y. G. ; OLIVEIRA, F. E. R. . Atributos químicos do solo influenciados por sucessivas aplicações de frequências e doses de biofertilizante. In: Adamastor Pereira Barros et al.. (Org.). CIÊNCIAS AGRÁRIAS: INOVAÇÃO, TECNOLOGIA, DESENVOLVIMENTO E EXTENSÃO. 1 ed. Guarabira: GEPRÁ EDITORA E EVENTOS CIENTÍFICOS, 2021, v. Unico, p. 265-274.

RUKHSAR, M.P.; PATEL, D.J.; PARMAR, A.D.; KALOLA, S. K. Morphological and molecular diversity patterns in castor germplasm accessions. **Industrial crops and products**, v.97, p.316-323, 2017.

SMITH, A. B.; GANESALINGAM, A.; KUCHEL, H.; CULLIS, B. R. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from crop variety testing programs. **Theoretical and applied genetics**, v.128, p.55-72, 2015.

VAN EEUWIJK, F. A.; BUSTOSKORTS, D. V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? **Crop Science**, v.56, n.5, p.2119-2140, 2016.

XU, W.; WU, D.; YANG, T.; SUN, C.; WANG, Z.; HAN, B.; LI, D. Z. Genomic insights into the origin, domestication and genetic basis of agronomic traits of castor bean. **Genome Biol**, v.22, n.1. p.1-27, 2021.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science**, v.41, n.3, p.656-663, 2001.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L.: GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v.47, n.2, p.643–653, 2007.

YAU, S. K. Regression and AMMI analyses of genotype × environment interactions: An empirical comparison. **Agronomy journal**, v.87, n.1, p.121-126, 1995.