

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO

**Desempenho produtivo e análise molecular de uma família  
(F<sub>2</sub>) de *Ricinus communis* L.**

**Ileineide Braz Santos de Jesus**

**CRUZ DAS ALMAS – BA  
2020**

**Desempenho produtivo e análise molecular de uma família (F<sub>2</sub>) de  
*Ricinus communis* L.**

**Ileineide Braz Santos de Jesus**

Licenciada em Ciências Biológicas  
Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano, 2018

Dissertação apresentada ao colegiado do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestra em Recursos Genéticos Vegetais.

**Orientadora:** Dra. Profa. Simone Alves Silva

**Coorientadores:** Dr. Ciro Ribeiro Filadelfo

Dr. Prof. Gean Carlo Soares Capinan

## FICHA CATALOGRÁFICA

J58d	<p>Jesus, Ilneide Braz Santos de. Desempenho produtivo e análise molecular de uma família (F2) de <i>Ricinus communis</i> L. / Ilneide Braz Santos de Jesus. Cruz das Almas, Bahia, 2020. 99f.; il.</p> <p>Orientadora: Simone Alves Silva. Coorientador: Ciro Ribeiro Filadelfo.</p> <p>Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (RGV).</p> <p>1.Mamona – Variabilidade genética. 2.Ricinus communis – Melhoramento genético em plantas. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Capinan, Gean Carlo Soares. III.Título.</p> <p>CDD: 633.8</p>
------	---

Ficha elaborada pela Biblioteca Central de Cruz das Almas - UFRB.  
Responsável pela Elaboração - Antonio Marcos Sarmento das Chagas (Bibliotecário - CRB5 / 1615).  
(os dados para catalogação foram enviados pelo usuário via formulário eletrônico).

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO**

**Desempenho produtivo e análise molecular de uma família (F<sub>2</sub>) de  
*Ricinus communis* L.**

COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE  
ILNEIDE BRAZ SANTOS DE JESUS

Aprovada em: 18 de dezembro de 2020

**BANCA EXAMINADORA**

Profa. Dra. Simone Alves Silva  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB  
Examinador Interno (Orientadora)

Dra. Laurenice Araujo Santos  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB  
Examinador Interno

Profa. Dra. Jacqueline Araújo Castro  
Instituto Federal de Educação, Ciências e Tecnologia Baiano - IF Baiano  
Examinador Externo

## **DEDICATÓRIA**

A minha família, Virgilia Souza, Rosineide Fonseca, Rubeney Fonseca, Marineide Braz, Wilson de Jesus, Fabricio Oliveira, minha eterna gratidão.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus por tudo, pois ele é o grande protagonista que nos concede o dom da vida. Agradeço por ter me dado essa oportunidade, por guiar-me em todos os momentos, me fazendo superar as dificuldades e vencê-las com êxito.

Aos meus familiares por me apoiarem em todos os desafios, me proporcionando palavras de conforto e incentivo. Agradeço em especial aos meus pais Marineide Braz Santos e Wilson de Jesus, a minha avó Virgília Conceição Braz Souza, por todo carinho e cuidado, aos meu tio(a) Rosineide Braz e Rubney Sampaio e ao meu noivo Fabricio Oliveira Paula Oliveira, pelas palavras de incentivo e por toda ajuda prestada em todo processo de formação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), pela oportunidade de realização do curso.

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

À Petrobrás Biocombustível e a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP) pelo financiamento do projeto.

Agradecimentos em especial a minha orientadora, pesquisadora Prof<sup>fa</sup>. Dr<sup>a</sup>. Simone Alves Silva, pela oportunidade, pelos ensinamentos compartilhados, pela confiança e orientação no desenvolvimento deste trabalho.

Aos meus coorientadores, Gean Carlo Soares Capinan e Ciro Ribeiro Filadelfo pelas orientações no desenvolvimento da pesquisa, amizade, incentivo e conhecimentos compartilhados.

A todos os professores das disciplinas cursadas durante o mestrado, pelo conhecimento compartilhado, em especial ao Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha por todo auxílio prestado no desenvolvimento das análises.

A toda equipe do grupo de Pesquisa NBIO, pelo companheirismo e colaboração na realização do trabalho. Agradeço especialmente a Laurenice Santos, Gean Capinan, Hilçana Albuquerque, Francielly Oliveira, Maria Celizia Reis, amigos e companheiros que me auxiliaram em minha jornada e estes levarei para a vida.

A todos os meus colegas que fizeram parte dessa caminhada e contribuíram de alguma forma para meu desenvolvimento e formação, através de trocas de experiências e vivências.

Aos membros da Banca Examinadora, pela disponibilidade do tempo dedicado.

Aos funcionários da UFRB que estão nos bastidores, cuidando e contribuindo para a formação de todos.

Por fim, agradeço a todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

A todos os meus sinceros e profundos agradecimentos.

## **Desempenho produtivo e análise molecular de uma família (F<sub>2</sub>) de *Ricinus communis* L.**

Autora: Ilneide Braz Santos de Jesus  
Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

**RESUMO:** Os objetivos deste trabalho foram: 1- Avaliar o desempenho produtivo de uma família F<sub>2</sub> de *Ricinus communis* L., utilizando caracteres morfoagronômicos relacionados à produtividade. 2 - Avaliar a divergência genética da população por meio da análise conjunta de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*). Desta forma, identificar caracteres que permitam selecionar genótipos produtivos, são quesitos importantes para condução das próximas gerações em Programa de Melhoramento Genético de *Ricinus communis* L. permitindo definir estratégias de condução da população segregante a fim de obter progressos genéticos com a seleção. Os experimentos, de campo e laboratório foram realizados no período de novembro de 2018 a dezembro de 2019. Os dados foram coletados de uma família gênica F<sub>2</sub> de *Ricinus communis* L. oriunda da autofecundação da geração F<sub>1</sub>, do cruzamento de duas linhagens parentais homozigotas, cultivada em área experimental do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas (CCAAB) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) no município de Cruz das Almas, BA. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos aumentados. Para a avaliação do desempenho foram avaliados 16 caracteres morfoagronômicos por meio da análise descritivas e de variância. Também foram realizadas análise de correlação para verificar os efeitos dos descritores sobre o teor de óleo na semente (TOS) e análise de componentes principais para determinar as variáveis que mais contribuíram para a variabilidade dos genótipos estudados. O estudo de divergência genética foi realizado pelo método UPGMA com a distância de dissimilaridade de Gower, com o auxílio do programa R. Os resultados fenotípicos indicam presença de variabilidade genética para a maioria dos descritores avaliados e correlação significativa entre alguns descritores com a produtividade. Não são constatadas correlações significativas entre o teor de óleo e demais variáveis, sendo necessária uma seleção direta para o caráter produtivo TOS para seu melhoramento, utilizando-se de métodos robustos, auxiliados por informações moleculares para reduzir o efeito do ambiente no caráter poligênico. A análise de componentes principais revela que os dois primeiros componentes principais explicam satisfatoriamente a variação total, sendo que os caracteres que promoveram maior contribuição na diferenciação dos genótipos neste estudo foram: PRO, NFP, NSP, PSP, PFR, PSR, CT NFR e P100. A análise conjunta morfológica e molecular, possibilitou a formação de dois grupos distintos, sendo que estes apresentam subgrupos, mostrando que existe divergência genética nos genótipos avaliados. De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, os genótipos mais similares geneticamente são UFRB186 e UFRB185, (0,038) e os mais dissimilares são UFRB 616 e UFRB336 (0,668). Estes estudos servem de base para direcionar a seleção de genótipos promissores e divergentes e escolher o método mais apropriado para condução da população em programa de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares com maiores teor de óleo, mais produtivas, resistentes e bem adaptadas.

**Palavra-chaves:** Divergência genética, dissimilaridade de Gower e *Simple Sequence Repeats*.

## **Productive performance and molecular analysis of a family (F<sub>2</sub>) of *Ricinus communis* L.**

Author: Ilneide Braz Santos de Jesus  
Adviser: Dra. Simone Alves Silva

**ABSTRACT:** This study aimed to: 1- To evaluate the productive performance of an F<sub>2</sub> family of *Ricinus communis* L., using morpho-agronomic traits related to productivity. 2 - Evaluate the genetic divergence of the population through the joint analysis of morpho-agronomic traits and molecular markers SSR (Simple Sequence Repeats). Thus, to identify traits that allow the selection of productive genotypes, are important questions for conducting of the next generations in the Genetic breeding Program of *Ricinus communis* L. allowing to define strategies for conducting the segregating population in order to obtain genetic progress with the selection. The experiments, field and laboratory were carried out from November 2018 to December 2019. The data were collected from a F<sub>2</sub> gene family of *Ricinus communis* L. from the self-fertilization of the F<sub>1</sub> generation, from the crossing of two homozygous parental strains, cultivated in an experimental area at the Federal University of Recôncavo da Bahia UFRB / CCAAB in the municipality of Cruz das Almas, BA. The statistical design used was that of augmented blocks. For the performance evaluation, 17 morpho-agronomic traits were evaluated by means of descriptive and variance analysis. Correlation analysis was also carried out to verify the effects of the descriptors on the oil content in the seed (TOS) and principal component analysis to determine the variables that most contributed to the variability of the studied genotypes. The study of genetic divergence was performed by the UPGMA method with Gower's dissimilarity distance, with the aid of the software R. The phenotypic results indicate the presence of genetic variability for most of the evaluated descriptors and significant correlation between some descriptors with the productivity. There are no significant correlations between oil content and other variables, requiring a direct selection for the productive trait TOS for its improvement, using robust methods, aided by molecular information to reduce the effect of the environment on the polygenic trait. The analysis of main components revealed that the first two main components explained total variation, and the traits that promoted the greatest contribution to the differentiation of genotypes in this study were: PRO, NFP, NSP, PSP, PFR, PSR, CT NFR and P100. The joint analysis morphological and molecular, allows the formation of two distinct groups, which have subgroups, showing that there is genetic divergence in the evaluated genotypes. According to the values of the dissimilarity matrix, the most genetically similar genotypes are UFRB186 and UFRB185, (0.038) and the most dissimilar are UFRB 616 x UFRB336 (0.688). These studies serve as a basis for directing the selection of promising and divergent genotypes and choosing the most appropriate method for conducting of the population in a genetic breeding program for the development of cultivars with higher oil contents, more productive, resistant and well adapted.

**Keywords:** Genetic divergence, Gower dissimilarity and Simple Sequence Repeats.

## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO GERAL .....</b>	<b>9</b>
<b>REVISAO DE LITERATURA .....</b>	<b>11</b>
Caracterização Botânica .....	11
Origem e distribuição geográfica .....	12
Importância socioeconômica.....	12
Melhoramento genético da mamoneira.....	15
Delineamento em Blocos Aumentados .....	18
Marcadores no melhoramento genético.....	19
Marcadores Moleculares Microssatélites ou Simple Sequence Repeats (SRR) ...	20
Divergência genética e análise conjunta.....	22
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>25</b>
CAPÍTULO I	
<b>DESEMPENHO PRODUTIVO DE UMA FAMÍLIA F2 DE <i>Ricinus communis</i> L. POR MEIO DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS .....</b>	<b>38</b>
RESUMO .....	39
ABSTRACT .....	40
<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>41</b>
<b>METODOLOGIA .....</b>	<b>42</b>
População experimental.....	42
Descritores avaliados .....	43
Análises estatísticas.....	45
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>45</b>
<b>CONCLUSÕES .....</b>	<b>63</b>
<b>REFERENCIAS.....</b>	<b>64</b>
CAPÍTULO II	
<b>ANÁLISE CONJUNTA DE UMA POPULAÇÃO F2 DE <i>Ricinus communis</i> L. PARA CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES SSR .....</b>	<b>72</b>
RESUMO .....	73
ABSTRACT .....	74
<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>75</b>
<b>METODOLOGIA .....</b>	<b>77</b>

Material vegetal .....	77
Caracterização Fenotípica .....	78
Extração do DNA genômico .....	80
Quantificação do DNA genômico .....	81
Amplificação do DNA genômico com marcadores SSR .....	81
Análise de dados.....	83
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>84</b>
<b>CONCLUSÕES .....</b>	<b>90</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>91</b>
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>98</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

*Ricinus communis* L., conhecida popularmente como mamona, carrapateira, palma-de-cristo, rícino, é uma espécie arbustiva, pertencente à família *Euphorbiaceae*, de grande importância dentre as espécies oleaginosas não comestíveis (RADHAMANI *et al.*, 2012; JENA e GUPTA, 2012).

Apesar de todas as partes desta planta serem importantes, o principal produto fornecido por esta cultura é o óleo extraído de suas sementes, sendo este a matéria prima para fabricação de tintas, lubrificantes, cosméticos, drogas farmacêuticas, nylon, corantes, desinfetantes, germicidas, sabões, adesivos, biodiesel entre outros. (MORAES, 2015; MUBOFU, 2016). Ademais, a planta é utilizada como: fertilizante, fungicida, fitorremediador para várias substâncias do solo e diversas propriedades medicinais, tais como: purgativa, laxativa, anti-inflamatória, antioxidante, analgésica, antidiabética, antimicrobiano, estimulante e antitumoral (JENA e GUPTA, 2012; KUMAR *et al.*, 2017).

Nos últimos anos com o surgimento de um novo mercado energético a cultura obteve destaque na perspectiva de utilização do óleo extraído de sementes como uma alternativa para a fabricação de combustível de origem renovável, o “biodiesel, por não ser destinada a alimentação humana diferentemente de outras culturas oleaginosas, como: a soja, amendoim, girassol, ampliando assim, o uso do óleo da mamona como matéria-prima (MUTLU e MEIER, 2010). No entanto, a produção de biodiesel é pouco representativa (SIMÕES *et al.*, 2020).

O grande destaque do óleo desta cultura se dá principalmente por sua estrutura química, que contém em sua constituição cerca de 90% de ácido ricinoléico (12-hidroxi ácido oleico). Este ácido graxo contém propriedades singulares, como elevada densidade, viscosidade e estabilidade, mantendo assim, suas características mesmo em altas taxas de temperaturas, sendo o único óleo solúvel em álcool, não requerendo gasto de energia para sua transformação em combustível (SIMÕES, *et al.*, 2017).

Em relação aos aspectos econômicos, a mamona tem sido cultivada em diversos países, entre os principais produtores estão a Índia (15.680.00 t), Moçambique (79.944 t), China (55.000 t) e o Brasil (13.481 t) (FAOSTAT, 2017).

O Brasil atualmente é o quarto maior produtor mundial de mamona (0,75% da produção mundial). Este já foi, durante décadas, o maior produtor mundial e também o maior exportador de óleo, porém nos últimos anos o país vem apresentando declínio

na produção perdendo para a Índia que se encontra no primeiro lugar no ranking, com 87,5% da produção mundial de grãos, seguido de Moçambique (4,5%) e China (3,1%) (FAOSTAT, 2017).

Além da sua importância socioeconômica, esta espécie se destaca por sua elevada capacidade de adaptar-se a vários tipos de solos e condições climáticas, desde regiões com elevados índices pluviométricos às regiões áridas e semiáridas, ter facilidade de propagação via sementes, ser acessível a baixo custo, e por ser uma alternativa de renda para pequenos e médios agricultores, principalmente na região nordeste (Milani *et al.*, 2008; SILVA, *et al.*, 2017; FERREIRA e MELO, 2019).

Desta maneira, o melhoramento genético pode contribuir para aumentar a produtividade da mamoneira, o teor de óleo na semente (principal produto), precocidade, entre outros caracteres de interesse, possibilitando assim, o desenvolvimento de linhagens elites e cultivares melhoradas que atendam as necessidades do mercado e do pequeno agricultor.

Entretanto, nas fases iniciais dos programas de melhoramento o sucesso depende da obtenção de melhores combinações híbridas que elevem a variabilidade genética nas populações segregantes, principalmente para caracteres de difícil seleção, a exemplo da produtividade (BOREM e MIRANDA, 2009; AKRAM *et al.*, 2016), uma vez que a maioria destes caracteres agrônômicos é de natureza quantitativa, poligênica, ou seja, são controlados por vários genes e bastante influenciados pelo ambiente, a exemplo do teor de óleo na semente. Assim, o conhecimento da variabilidade de uma população, seu desempenho e da herança genética em gerações precoces são de suma importância, pois permite conhecer o potencial da população para a seleção, bem como permite direcionar o programa de melhoramento para a seleção de genótipos mais promissores que resultem em ganhos genéticos mais significativos (RAMALHO *et al.*, 2012).

Ademais, o estudo envolvendo análise moleculares, associada a avaliações agrônômicas, é de suma importância, uma vez que a utilização de novas ferramentas moleculares se torna possível fazer estudos precisos em gerações cada vez mais precoces, pois, tais ferramentas permitem acessar ao DNA do indivíduo detectando variação genética, mesmo em estágios iniciais de desenvolvimento da planta, sem necessidade de ocorrência da expressão fenotípica de determinada característica de interesse. Além do mais, o DNA sendo acessado diretamente há a exclusão da interferência do ambiente, reduzindo assim, o tempo de melhoramento de uma cultura

e possibilitando uma completa caracterização da população e o acesso a variabilidade existente.

Desta forma, os objetivos deste trabalho foram avaliar desempenho produtivo de uma família F<sub>2</sub> de *Ricinus communis* L., utilizando caracteres morfoagronômicos relacionados à produtividade, assim como avaliar a divergência genética da população por meio de análises conjunta de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*).

## 2 REVISAO DE LITERATURA

### 2.1 Caracterização Botânica

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma planta xerófila e heliófila, pertencente à família *Euphorbiaceae* junto com outras 7000 espécies, sendo encontrada nas regiões tropicais e semitropicais no mundo (WEISS, 2000).

É uma planta tropical, de hábito arbustivo que cresce geralmente até 6 metros de altura e apresenta grande variação morfológica em seu crescimento e aparência, ou seja, hábito de crescimento, folhagem, caules, tamanho, cor da semente e teor de óleo (JENA e GUPTA, 2012; SALIHU *et al.*, 2014).

Seu sistema radicular é do tipo pivotante que se estende profundamente e lateralmente; apresenta partes aéreas ramificadas; possui folhas alternas com pecíolos arroxeados, sub-peltado; estipulas grandes ovadas, amareladas, decíduas; lâmina foliar de 10 a 20 cm de diâmetro, recortada profundamente (3/4 de sua profundidade) em 7-11 segmentos lanceolados, agudos, grosseiramente serrilhados, com coloração verde azulada, sendo mais pálida na face abaxial, e vermelho escuro e brilhante quando jovens.

As flores são unisexuais (monóicas), dispostas em inflorescência terminais do tipo panícula, formada de um racemo bem desenvolvido, com ramificações laterais dispostas alternadamente. As flores masculinas são pediceladas, monoclamídeas, com sépalas amarelo-esverdeadas e estames bege, localizadas na base da inflorescência. As flores femininas são sésseis, monoclamídeas, com sépalas geralmente avermelhadas e grandes ovários tricarpelares, as quais estão dispostas na parte superior da inflorescência, protegidas por brácteas amplamente triangulares, de cores esverdeadas ou avermelhadas (RANA *et al.*, 2012).

Os frutos são do tipo esquizocarpo, comumente chamados de cápsula tricoca, recobertos por espinhos. Possuem cores esverdeada, vermelho-esverdeada ou vermelha brilhante e ficam marrons à medida que amadurecem; possuem cerca de 10 a 30 mm de diâmetro e se dividem em três segmentos (mericarpós), cada um contendo uma única semente.

As sementes são lisas, com carúncula e formato um tanto oval, possuindo diferentes cores, tamanhos e formatos (AZEVEDO *et al.*, 2001). Ela ainda é caracterizada como tóxica, devido à presença da proteína ricina, que mesmo em pequenas doses é mortal.

Embora seja classificada como uma planta autógama (TÁVORA, 1982), a mamoneira, devido à alta taxa de cruzamento, pode ser classificada como plantas do tipo mistas ou intermediárias, quanto ao sistema reprodutivo. (BERTOZZO *et al.*, 2011).

## **2.2 Origem e distribuição geográfica**

O seu centro de origem não é bem definido, sendo dada ora como africana, ora asiática ou até mesmo como planta nativa das Américas (SCARPA e GUERCI, 1982; SCHNEIDER, 2002), sendo o primeiro local o mais provável de ser o centro de origem, devido a presença de uma alta diversidade (ANJANI, 2012).

A espécie apresenta facilidade de propagação e adaptação a diferentes condições climáticas, possuindo vasta distribuição geográfica, ocorrendo assim, subespontaneamente ou cultivada nas mais variadas regiões do mundo, principalmente em zonas tropicais e subtropicais (KRUG e MENDES, 1942).

No Brasil, acredita-se que sua introdução ocorreu durante a colonização portuguesa com a finalidade de utilizar o seu óleo como lubrificante para eixos de carroças e iluminação (SAVY FILHO, 2005). Atualmente devido ao clima tropical do Brasil, esta espécie encontra-se distribuída por quase toda extensão territorial nacional.

## **2.3 Importância socioeconômica**

A mamoneira é uma importante oleaginosa não comestível por ser uma planta de fácil adaptabilidade, propagação e tolerância a diversas condições climáticas,

sendo predominantemente cultivada em regiões áridas e semiáridas do mundo (SIMÕES, 2017; SILVA, 2017).

No Brasil, por ser uma cultura menos exigente em relação a manejo, solo e clima e por possuir baixos custos de produção, pode ser encontrada em quase todo o território nacional, tendo maior destaque a região Nordeste que lidera a produção, principalmente pelos aspectos climáticos favoráveis e por não existir forte concorrência de outras culturas mais rentáveis, como ocorre em outras regiões. Além disso, programas governamentais têm incentivado a produção desta cultura na região, com o propósito de buscar o aperfeiçoamento da produção do biodiesel e inclusão do óleo da mamona em sua constituição. Desta forma, a cultura se torna de grande importância social e econômica para a região Nordeste, sendo capaz de contribuir para a inclusão social e gerar emprego e renda contínua para pequenos e médios agricultores (FREITAS *et al.* 2010; FERREIRA e MELO, 2019).

De acordo com o IBGE, em 2018 a Bahia produziu 12.431 t, correspondendo a 87,39% da produção nacional. Neste estado, encontra-se também a maior área cultivada de mamoneira com 46.163 ha<sup>-1</sup>, no entanto, o sistema de produção e cultivo utilizados ainda são bastante precários, comprometendo a produtividade média, que corresponde à 286 kg ha<sup>-1</sup>, o que coloca a Bahia em quinto lugar, neste quesito, em relação aos demais estados (Minas Gerais, Mato Grosso, Piauí, Pernambuco) (IBGE, 2018).

A importância da exploração da mamoneira se dá, principalmente, devido ao óleo contido em suas sementes que representa cerca de 40 a 60% de sua constituição (SIMÕES, 2017; SBIHI *et al.* 2018; VIVODÍK *et al.*, 2020).

O óleo da mamona, também chamado de óleo de rícino tem como principal componente o ácido ricinoléico (que corresponde a aproximadamente 90% de sua constituição). A presença majoritária deste ácido confere ao óleo da mamona propriedades químicas e físicas únicas em relação aos demais óleos vegetais, como a capacidade de se manter em estado líquido mesmo em temperaturas abaixo de -30°C, alta viscosidade, boa estabilidade oxidativa e solubilidade em álcool. Além disso o óleo de rícino é capaz de suportar grandes e repentinas variações de temperatura, e é fortemente resistente a processos de hidrólise devido a presença de extensas cadeias hidrófobas (ARAÚJO *et al.*, 2008; MUNIZ, 2019;).

O óleo, extraído de suas sementes, tem sido empregado em múltiplos setores da indústria, na fabricação de diversos produtos como resinas, tecidos, materiais

plásticos, lubrificantes, espumas, detergentes, fibras sintéticas, dentre outros. Além disso, é utilizado para fabricação de cosméticos e medicamentos e até mesmo já fora utilizado na medicina para a construção de órgãos humanos artificiais (SCARPA e GUERCI, 1982; NUNES *et al.*, 2008; ARMENDÁRIZ *et al.*, 2015; MADALENA *et al.*, 2017; MAIA, 2019).

Além disso, outra importante utilização do óleo é na perspectiva de uso como fonte energética sob a forma de biodiesel (COSTA *et al.*, 2015). O biodiesel é um biocombustível produzido através de fontes de energia renováveis como os óleos vegetais, gordura animal, resíduos de óleos alimentares e algas e pode ser utilizado para produção de energia elétrica e transportes. Este apresenta-se como um importante substituto do óleo diesel, por proporcionar menores graus de poluição, possuir uma produção mais barata, ser biodegradável, e apresentar menores impactos ambientais (ALBERTIN e TELLES, 2008; CARRARO *et al.*, 2019; GUIMARÃES *et al.*, 2018; LINS e SOUZA, 2019;).

Muitas outras espécies de plantas oleaginosas são cultivadas para a produção de biodiesel como: o dendê, pinhão manso, soja e girassol. Entretanto, a mamona ocupa uma posição de destaque no agronegócio brasileiro, com potencial eminente para contribuição no desenvolvimento agrícola, levando em consideração a sustentabilidade (COSTA *et al.*, 2015).

Além do óleo retirado das sementes, outras partes da mamoneira também são utilizadas, como a haste, que fornece celulose para a fabricação de papel e serve de matéria-prima para a produção de tecidos grosseiros (AZEVEDO e LIMA, 2001).

O subproduto ou resíduo chamado de torta, que é gerado após processo de beneficiamento do óleo, também pode ser utilizado para fabricação de ração e suplementos de animais desde que desintoxicada via vapor afim de neutralizar a proteína tóxica ricina (SANTOS *et al.*, 2001).

Outra forma de utilização da torta é como adubação orgânica na produção vegetal com grande capacidade de restauração de solos desgastados (SAVY FILHO *et al.*, 1999; KUMAR *et al.*, 2017). Estes resíduos gerados também podem ser utilizados para confecção de briquetes, e estes por sua vez apresentam potencial e boas características para a produção de biocombustíveis sólidos (AMARAL *et al.*, 2019).

## 2.4 Melhoramento genético da mamoneira

Os principais objetivos de um programa de melhoramento de mamoneira visam aperfeiçoar caracteres como: maior produtividade, precocidade de florescimento e produção, baixa estatura, adaptação à colheita mecânica, alto teor de óleo, resistência a pragas e doenças SEVERINO *et al.* 2006; FREIRE *et al.* 2007; BAHIA, 2008; SILVA, 2017, SILVA e SANTOS, 2019).

O melhoramento genético no Brasil já permitiu grande melhoria na produção desta oleaginosa contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes. Este teve seu início em 1936, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em São Paulo, cujos objetivos dos melhoristas na época eram desenvolver cultivares com maiores taxas de produtividade, resistentes a doenças e pragas, além de outras características de interesse (KRUG *et al.* 1943).

Na Bahia, os trabalhos de melhoramento genético com esta espécie foram iniciados na década de 60 pelo Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Leste (IPEAL). A partir do ano de 1974, a Empresa de Pesquisa Agropecuária da Bahia (EPABA) passou a conduzir o melhoramento desta cultura (GODOY *et al.*, 1985).

Na década de 80, a EPABA foi transformada na Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA), a qual passou a conduzir os experimentos.

A partir destes programas e de outros desenvolvidos por instituições de pesquisa (Universidade Federal de Viçosa – UFV, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais – EPAMING, Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária – IPA, dentre outras), várias cultivares foram sendo lançadas, a exemplo das cultivares IAC 38, 80, 226, Guarani, Sipeal 28, BRS 149, Nordestina, BRS 188, Paraguaçu, dentre outras (BELTRÃO, 2006). No entanto, de acordo a EMBRAPA (2014), apenas seis destas cultivares (BRS 149 Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia, AL Guarany 2002, IAC 80 e IAC 2028) são utilizadas no Brasil.

Atualmente, dentre as instituições que estão envolvidas no melhoramento genético desta cultura, podemos citar: Universidade Federal de Viçosa (UFV), Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Embrapa- Centro Nacional de Pesquisa do Algodão (CNPQ), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e a Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB).

O Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO), pertencente à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), localizada no município de Cruz das Almas, Bahia, tem permitido importantes avanços na tecnologia de produção da mamoneira, visando atender as regiões do Recôncavo Baiano, litoral e semiárido da Bahia. Iniciou os seus trabalhos no ano de 2005, buscando o desenvolvimento de cultivares com elevado teor de óleo na semente, porte reduzido, aumento nos caracteres de produção (peso, número, tamanho de bagas e de grãos, além do potencial produtivo) aliada à resistência/tolerância às principais doenças, a exemplo de mofo cinzento causado pelo fungo *Amphobotrys ricini* e a tolerância a ambientes de baixa precipitação pluviométrica e aos elementos tóxicos do solo.

O programa teve início com a introdução de cinco cultivares, sendo elas Sipeal 28, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, Mirante 10 e EBDA MPA, no qual foram desenvolvidas diversas pesquisas. Inicialmente foram feitos estudos de base para a introdução a cultivares e verificar a possibilidade de possíveis combinações promissoras. Bahia *et al.* (2008) avaliando a divergências entre estas 5 cultivares observou que em virtude da maior dissimilaridade, combinações promissoras entre ~Sipeal 28x BRS 188 Paraguacu e Sipeal 28 x EBDA MPA – 17 eram esperadas entre os híbridos. Outros estudos realizados por Cerqueira (2008); Silva (2008), Sampaio Filho, (2011), Diamantino *et al.* (2016) também constataram a presença de variabilidade genética e o desempenho promissor destas cultivares para a região do Recôncavo Baiano. Posterior foram realizados processos de hibridações (PASSOS *et al.*, 2010), por condução de populações segregantes e autofecundações para avanços de gerações (OLIVEIRA *et al.*, 2013). Com otimização do método analítico gravimétrico e teor de óleo (MACHADO *et al.*, 2014) com desenvolvimento de linhagens homozigotas na geração F6 com presença de elevada variabilidade genética e ganhos genéticos com a seleção, envolvendo avaliações moleculares (SILVA *et al.*, 2012, MACHADO; SILVA 2013; MACHADO *et al.*, 2013, BRASILEIRO, 2014, MACHADO *et al.*, 2016, SIMÕES *et al.* 2017, SIMÕES *et al.* 2020) e também morfoagronômicas, seguido de seleção de linhagens elites (SANTOS, 2013; SILVA *et al.*, 2017; SANTOS *et al.* 2019). Por fim, realização de ensaios para lançamentos de cultivares (SILVA, 2016).

Dando sequência ao programa de melhoramento, as linhagens mais distantes geneticamente entre si, desenvolvidas no NBIO, foram selecionadas iniciando um novo ciclo de hibridações para obtenção de novas populações segregantes

(BRASILEIRO, 2019). Através dos cruzamentos e autofecundações realizados foram obtidas 5 famílias F2 segregantes (CAPINAN, 2020), no qual uma destas é objeto de avaliação no presente estudo.

A eficiência de qualquer programa de melhoramento depende da existência da variabilidade genética e quanto dela é devida a diferenças genéticas entre genótipos, além disso, o conhecimento da variabilidade permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para a seleção (RAMALHO *et al.*, 2012; CRUZ e CARNEIRO, 2003, SILVA e SANTOS, 2019).

Visando amplificar esta variabilidade, os programas de melhoramento realizam cruzamentos (hibridações) para amplificar a base genética de uma população, e assim, impor processos seletivos que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos para os caracteres de interesse (BERNARDO, 2002).

O processo de melhoramento de uma cultura envolve várias etapas. O primeiro passo deve ser a escolha dos genitores para obtenção de populações segregantes, sendo seguido pelo avanço das gerações, avaliação e seleção, e teste para recomendação de cultivares. (NOGUEIRA *et al.*, 2015). Para a obtenção de populações segregantes a seleção deve ocorrer entre genitores com características contrastantes, onde serão realizados cruzamentos (hibridação), que consiste na fusão de gametas geneticamente diferentes, resultando assim, em indivíduos híbridos heterozigotos para mais de um loci e conseqüentemente ocorrência de combinações favoráveis. A população segregante pode ser oriunda de cruzamentos biparentais ou retrocruzamentos, duplos, triplos ou complexos (BORÉM e MIRANDA, 2009). Uma vez obtida a variabilidade genética, estas gerações segregantes são conduzidas por métodos de condução de melhoramento (CARVALHO, *et al.* 2013).

Existem diversos métodos para o avanço de gerações. No caso da mamoneira, os métodos utilizados na cultura são: método de seleção massal, genealógico, método single seed descent (SSD) (SAVY FILHO, 1993).

Outros métodos também podem ser utilizados, no entanto a escolha irá depender da condição reprodutiva da espécie (autógama ou alógama), características do germoplasma disponível, bem como do objetivo do trabalho de melhoramento (OLIVEIRA e ZANOTTO, 2008).

No caso da mamoneira, especificamente o Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO), conduz esta como autógama, através de sucessivas autofecundações, até obter genótipos homozigotos superiores com desenvolvimento

de linhagens e cultivares superiores, utilizando técnicas de seleção clássica e molecular (SILVA e SANTOS, 2019).

## 2.5 Delineamento em Blocos Aumentados

Na experimentação agrícola, os delineamentos experimentais seguem a determinados princípios básicos: repetição, casualização e controle da variação local, e a partir da observação destes princípios que será determinada a confiabilidade dos resultados obtidos (BANZATO e KRONKA, 2006). Para obter um experimento com maior precisão, é necessário que utilize um grande número de repetições, diminuindo assim os fatores ambientais e conseqüentemente maior controle sobre a variação local.

No entanto, em programas de melhoramento vegetal nem sempre é possível implementar um experimento completo e/ou balanceado, principalmente quando se trata da avaliação de populações iniciais (gerações segregantes), uma vez que fatores como: pequena disponibilidade de material propagativo, número elevado de materiais a serem avaliados, falta de homogeneidade genética nas primeiras gerações, restrições financeiras, físicas, mão-de-obra e área experimental limitam a utilização de repetições (SOUZA *et al.*, 2000; BACKES *et al.* 2003; PETERNELLI *et al.*, 2009).

Neste sentido, os delineamentos em blocos aumentados (DBA) foi proposto por Federer (1956) na década de 50, como uma alternativa para contornar tais limitações presentes nas fases iniciais dos programas de melhoramento, quando o número de material a ser avaliado é bastante elevado e a quantidade do material de propagação, como sementes e tubérculos é pequena. Nesta configuração de experimento, há duas categorias de tratamentos, isto é, os tratamentos comuns (testemunhas), que são repetidas e tratamentos regulares (novos genótipos) que geralmente não são repetidos, permitindo assim, a avaliação de um grande número de materiais, exigindo menor trabalho e área experimental. (SOUZA *et al.*, 2000).

Neste tipo de delineamento as observações dos tratamentos regulares de cada bloco são corrigidas em função da diferença entre a média geral das testemunhas e a média da testemunha naquele bloco, sendo assim, todos os tratamentos regulares de um mesmo bloco são ajustados de acordo a um único índice, obtido com base nas testemunhas (BACKES *et al.* 2003).

Na literatura são encontrados trabalhos onde o DBA é objeto de estudo, onde foram constatados a sua eficiência para a seleção de genótipos superiores. (BEARZOTI *et al.*, 1994; AGUIAR *et al.* 2000; SOUZA *et al.*, 2003; PETERNELLI *et al.*, 2009).

## **2.6 Marcadores no melhoramento genético**

No melhoramento de plantas os marcadores e/ou descritores genéticos são essenciais para obtenção de informações básicas a respeito das espécies a serem melhoradas, bem como auxiliam na administração dos recursos genéticos. De acordo com a Lei de Proteção de Cultivares de no 9.456, sancionada em 25 de abril de 1997, descritor é “a característica morfológica, fisiológica, bioquímica ou molecular que seja herdada geneticamente, utilizada na identificação do cultivar”. Inicialmente os primeiros marcadores genéticos a serem amplamente difundidos e utilizado pelos melhoristas, eram os baseados em características morfológicas.

Embora o uso de descritores morfológicos sejam essenciais e importantes para a caracterização, estes apresentam limitações, como por exemplo: a avaliação de alguns caracteres só podem ser empregadas em determinado estágio de desenvolvimento da planta, apresentam características com expressão complexas que podem confundir o avaliador, efeitos pleotrópicos e epistáticos, além de serem influenciadas pelo ambiente, principalmente em caracteres de final de ciclo, que possuem herança quantitativa (SILVA *et al.* 2013; TOPPA e JADOSKI, 2013 ).

Desta forma, desenvolvimento de técnicas modernas, a exemplo dos marcadores moleculares, tem contribuído para detectar a variabilidade genética de um número elevado de genótipos em espaço de tempo relativamente curto, além de que, possuem uma grande vantagem sobre os marcadores morfológicos, uma vez que possuem alto grau de polimorfismo, não sofrem com as influências ambientais, raramente exibem interações epistáticas ou pleiotrópicas e detectam a variabilidade em qualquer estágio do desenvolvimento vegetal.

Os marcadores moleculares correspondem, basicamente, a um segmento cromossômico que pode ser utilizado para detectar diferenças entre um ou mais indivíduos (BERED *et al.* 1997; BORÉM e MIRANDA, 2009; TURCHETTO *et al.*, 2017).

Atualmente existem vários tipos de marcadores de DNA. Estes podem ser divididos em três categorias principais: os baseados em hibridização, a exemplo do RFLP (Polimorfismo no Comprimento dos Fragmentos de Restrição - *Restriction Fragment Length Polymorphism*), baseados em PCR (Reação em Cadeia pela Polimerase - *Polymerase Chain Reaction*), como exemplos podemos citar: o RAPD (Polimorfismo do DNA Amplificado ao Acaso - *Random Amplified Polymorphism DNA*), marcadores denominados SSR (Seqüências Simples Repetidas - *Simple Sequence Repeats* ou Microssatélites), AFLPs (Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados - *Amplified Fragment Length Polymorphism*), dentre outros, e por fim, marcadores baseados em sequenciamento. Os marcadores também podem ser classificados de acordo com o tipo de herança em dominantes e codominantes (TURCHETTO *et al.*, 2017), no qual, nos co-dominantes é possível distinguir indivíduos heterozigóticos de monozigóticos.

## **2.7 Marcadores Moleculares Microssatélites ou *Simple Sequence Repeats* (SRR)**

Os avanços das técnicas de biologia molecular, acompanhados pela evolução das áreas da bioinformática, têm possibilitado a geração de um número ilimitado de marcadores, permitido o mapeamento de importantes genes em diferentes espécies e potencializado sua incorporação às diferentes etapas dos programas de melhoramento genético (PERREIRA *et al.* 2005; SIMÕES, 2017). Um exemplo disto, é o avanço no sequenciamento do genoma de espécies de importância econômica que tem possibilitado o desenvolvimento a custo relativamente baixo de iniciadores que exploram polimorfismos em diversas regiões do genoma.

Diversos tipos de marcadores têm sido utilizados para os estudos moleculares na cultura da mamoneira, a exemplo do *Random Amplification of Polymorphic DNA* - RAPD (MACHADO *et al.*, 2013); *Simple Sequence Repeats* - SSR (MACHADO & SILVA, 2013; MACHADO *et al.*, 2016; SENTHILVEL *et al.*, 2017); *Target Region Amplification Polymorphism* - TRAP (SIMÕES *et al.*, 2017); *Single Nucleotide Polymorphism* - SNPs (FOSTER *et al.*, 2010); *Amplified Fragment Length Polymorphism* - AFLP e *Inter Simple Sequence Repeats* - ISSR (VASCONCELOS, *et al.*, 2016). Os diferentes tipos de marcadores exploram polimorfismos em diversas regiões do genoma da mamona. No entanto, a partir do sequenciamento do genoma de *R. communis* L. (CHAN *et al.*, 2010), diversos tipos de instrumentos moleculares

vêm sendo desenvolvidos, a exemplo do desenvolvimento de iniciadores (Sequências Simples Repetidas - *Simple Sequence Repeats* ou Microssatélites – SSR); (*Target Region Amplification Polymorphism* – TRAP); (Polimorfismo de nucleotídeo único - *Single nucleotide polymorphism* - SNP), específicos para a espécie, permitindo assim, maior cobertura de seu genoma (PRANAVI *et al.*, 2011; BAJAY *et al.*, 2011; MACHADO & SILVA, 2013; SIMÕES *et al.*, 2017; DHARAJIYA *et al.*, 2020).

A técnica chamada de microssatélites, também conhecidos por SSR (*Simple Sequence Repeat* ou Repetições de Sequências Simples) consiste em sequencias curtas de nucleotídeos, geralmente de um a seis, repetidos em *tandem*, que estão dispostos abundantemente por todo genoma dos organismos eucarióticos (BAJAY, 2009). Essas sequencias são altamente variáveis e o polimorfismo de um loco é revelado em virtude das diferenças no número de vezes em que essas unidades se repetem. Geralmente os microssatélites são encontrados no genoma na forma de mononucleotídica (A)<sub>n</sub>, dinucleotídica (AC)<sub>n</sub>, trinucleotídica (ACG)<sub>n</sub> e tetranucleotídica (ACGT)<sub>n</sub> pentanucleotídica (ACGTA)<sub>n</sub>; hexanucleotídica (ACGTAC)<sub>n</sub> e são classificados de acordo a sua composição de sequencias repetidas em: perfeita simples (CA)<sub>n</sub>, imperfeita simples (AAC)<sub>n</sub> TG (AAC)<sub>n</sub>, interrompida (CCA)<sub>n</sub> TTGC (CCA)<sub>n</sub>, perfeita composta (CA)<sub>n</sub> (GAA)<sub>n</sub> e imperfeita composta (CA)<sub>n</sub> TG (AGC)<sub>n</sub> (OLIVEIRA *et al.*, 2006; ZANELLA *et al.*, 2017).

Devido a sua natureza repetitiva, um loco microssatélite possui um elevado nível de informação polimórfica por se tratar de sequencias que podem sofrer com altas taxas de mutações. Estas originam-se devido a slippage ou deslizamento da DNA polimerase durante a replicação do DNA ou devido a crossing-over desigual durante a meiose. Embora os microssatélites estejam sujeitos a altas taxas de mutações, as sequencias de DNA que os flanqueiam são conservadas entre indivíduos de uma mesma espécie ou de gêneros próximos, o que permite o desenvolvimento de oligonucleotídeos primers/iniciadores específicos que complementem estas sequencias adjacentes aos microssatélites. Desta forma, é possível identificar e amplificar essas regiões polimórficas por meio da técnica chamada de PCR (Reação em Cadeia de Polimerase). Essa técnica consiste em varias etapas, envolvendo a combinação adequada de ciclos de temperaturas e tempo que visam a amplificação de um segmento específico de DNA, gerando copias *in vitro*, utilizando-se elementos básicos do processo de replicação natural do DNA (OLIVEIRA *et al.*, 2007; ZANELLA *et al.*, 2017).

Os marcadores microssatélites caracterizam-se por serem de caráter co-dominante, ou seja, é possível discriminar em gel indivíduos homozigotos e heterozigotos; multialélicos; dependentes de pequena quantidade de DNA dos indivíduos a serem estudados; elevado nível polimórfico em comparação a outros marcadores; altamente reprodutíveis e estão amplamente dispersos no genoma, tanto em regiões codificadora e não codificadoras (CHAUDHARI *et al.*, 2019).

Devido a estas características, os marcadores microssatélites estão sendo bastantes empregados para estudos de diversidade e estrutura genética de populações (CHAUDHARI *et al.*, 2019; ZENI NETO *et al.*, 2020; ZHANG *et al.*, 2020), mapeamento genético e identificação de QTLs (TELES, 2007; SANTOS *et al.*, 2006), caracterização genética de bancos de germoplasma (DO VAL *et al.*, 2020), seleção assistida em programas de melhoramento (DEMORE, 2008), dentre outros.

## **2.8 Divergência genética e análise conjunta**

O estudo da divergência genética é fundamental no melhoramento genético, uma vez que propicia o conhecimento das diferenças nas frequências alélicas de populações, permitindo verificar o grau da variabilidade genética e a identificação de novas constituições genéticas de interesse entre os indivíduos, além disso, possibilita o monitoramento de bancos de germoplasmas, pois gera informações úteis para preservação e uso dos acessos (AMARAL JÚNIOR e THIÉBAUT, 1999).

Outra vantagem bastante utilizada por meio do estudo da divergência genética, é a identificação de genitores, que são geneticamente distantes para futuros cruzamentos, possibilitando a ampliação da base genética (efeito heterótico) na geração híbrida e conseqüente maior variabilidade nas populações segregantes. (AMARAL JÚNIOR; THIÉBAUT, 1999; CRUZ; REGAZZI, 2001; CRUZ *et al.*, 2004).

De acordo com Milach (1999) e Shimoya *et al.* (2002), o estudo da divergência genética pode ser feito por diversos métodos, que podem levar em consideração as características morfológicas, agrônômicas, fisiológicas e genéticas (marcadores moleculares). Para estes estudos os melhoristas têm empregado a utilização de técnicas multivariadas que consiste em um conjunto de técnicas estatísticas, baseadas em algoritmos, ou medidas de distância que avaliam múltiplas variáveis simultaneamente sobre indivíduos ou objetos sob investigação (HAIR *et al.*, 2009)

Permitindo o estudo global destes caracteres, as ligações, semelhanças ou diferenças entre eles, perdendo o mínimo de informação (SARTORIO, 2008).

De acordo Hair *et al.* (2009), as técnicas mais estabelecidas, incluem as seguintes: análise de componentes principais e análise dos fatores comuns, regressão múltipla e correlação múltipla, análise discriminante múltipla e regressão logística, análise de correlação canônica, análise multivariada de variância e covariância, análise conjunta, análise de agrupamentos, análise de correspondência, dentre outras. O critério para a escolha do método multivariado que será utilizado irá depender da natureza dos dados, da análise a ser efetuada e qual a precisão requerida (CRUZ e REGAZZI, 2001).

O método de análise de agrupamentos, uma das técnicas mais utilizadas, tem como princípio classificar os genótipos em grupos, de forma que os agrupamentos resultantes devem exibir elevada homogeneidade interna (dentro dos agrupamentos) e elevada heterogeneidade externa (entre agrupamentos). Esta metodologia é baseada no cálculo das medidas de dissimilaridade provenientes de variáveis quantitativas e qualitativas (CROSSA e FRANCO, 2004; HAIR *et al.*, 2009).

A geração de dados de diferentes categorias (qualitativas e quantitativas) pode ser fator que dificulta a análise e a interpretação dos resultados de caracterização e avaliação dos genótipos, resultando em sua incompleta distinção.

Desta forma, análise conjunta das variáveis pode fornecer melhor informação da variabilidade existente. A técnica empregada para análise combinada de variáveis quantitativas e qualitativas, foi o algoritmo proposto por Gower (1971), no qual permitem que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessária a padronização das variáveis quantitativas e qualitativas, proporcionando assim melhor uso dos dados e maior robustez nas análises de dissimilaridade entre acessos. Entretanto, de acordo a Rocha *et al.* (2010) e Simões *et al.* (2017), apesar dos estudos envolvendo a análise simultânea de variáveis quantitativas e qualitativas apresentarem resultados satisfatórios, apresentando indicadores mais completos da variabilidade existente, poucos estudos têm utilizado esta estratégia para quantificação da dissimilaridade genética. De acordo aos mesmos autores isto pode está relacionado ao desconhecimento das técnicas estatísticas e a falta de softwares livres que realizem a análise conjunta desses dados.

Na cultura da mamoneira, existem na literatura, diversos exemplos do emprego de técnicas multivariadas na análise de divergência genética, no entanto a maioria

desses estudos são empregadas análises isoladas envolvendo apenas dados morfoagronômicos e/ou dados marcadores moleculares (MILANI *et al.*, 2009; SILVA *et al.*, 2012; MACHADO *et al.*, 2013, OLIVEIRA *et al.*, 2013; KANTI *et al.*, 2015; MACHADO *et al.*, 2016; THATIKUNTA *et al.*, 2016; SILVA *et al.*, 2017; BOATENG *et al.*, 2019; VIVODÍK *et al.*, 2020). Foram encontrados poucos estudos envolvendo análise conjunta nesta cultura (BRASILEIRO, 2014; SIMÕES *et al.*, 2020).

## REFERÊNCIAS

- AGYENIM-BOATENG, Kwadwo Gyapong et al. SRAP analysis of the genetic diversity of wild castor (*Ricinus communis* L.) in South China. **PloS one**, v. 14, n. 7, p. e0219667, 2019. Disponível em <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0219667> Acesso em: 26 de setembro de 2020. Acesso em: 03 ago. 2020.
- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. M. N.; BARI, M. A. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN M. A. Genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. **Plant Gene and Trait** [s.l.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016. <https://doi.org/10.5376/pgt.2016.07.0013> Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Soleh\\_Akram/publication/310672176\\_Genetic\\_Variability\\_and\\_Association\\_Analysis\\_of\\_Soybean\\_Glycine\\_max\\_L\\_Merrill\\_for\\_Yield\\_and\\_Yield\\_Attributing\\_Traits/links/5835131408ae138f1c0d8755/Genetic-Variability-and-Association-Analysis-of-Soybean-Glycine-max-L-Merrill-for-Yield-and-Yield-Attributing-Traits.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Soleh_Akram/publication/310672176_Genetic_Variability_and_Association_Analysis_of_Soybean_Glycine_max_L_Merrill_for_Yield_and_Yield_Attributing_Traits/links/5835131408ae138f1c0d8755/Genetic-Variability-and-Association-Analysis-of-Soybean-Glycine-max-L-Merrill-for-Yield-and-Yield-Attributing-Traits.pdf) Acesso em: 02 jan. 2020.
- ALBERTIN, M. R.; TELLES, B. Certificação da cadeia de valor do biocombustível: princípios, critérios e desafios. 5° **Congresso Brasileiro de Plantas Oleaginosas, Óleos, Gorduras e Biodiesel**, Lavras, MG. 2008. Acesso em: 04 jan. 2019.
- AMARAL JÚNIOR, A. T.; THIÉBAUT, J. T. L. Análise multivariada na avaliação da diversidade em recursos genéticos vegetais. Campos dos Goytacazes-Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, CCTA, 1999. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_nlinks&ref=000101&pid=S0102-0536200500040002800004&lng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_nlinks&ref=000101&pid=S0102-0536200500040002800004&lng=pt) Acesso em: 15 jan. 2020.
- AMARAL, Paula Martucheli; VARANDA, Luciano Donizeti; NAKASHIMA, Gabriela Tami; OLIVEIRA, Pâmela Beatriz Moreira de; SANTOS, Luis Ricardo Oliveira; PÁDUA, Franciane Andrade de; YAMAJI, Fábio Minoru. USE OF CASTOR OIL PLANT PIE FOR SOLID BIOFUEL PRODUCTION. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, v. 8, n. 3, 2019. 574-582 p. <http://dx.doi.org/10.5380/rber.v8i3.65672> Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/rber/article/view/65672>. Acesso em: 2 jan. 2020.
- ANJANI, K. Castor genetic resources: a primary gene pool for exploitation. **Industrial crops and products**, v. 35, n. 1, p. 1-14, 2012. Disponível em: [https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669011002081?casa\\_token=S4UHOpoxZwQAAAAA:10lt6I9g9Pb2vGb\\_u46zhqmRqjG9mU\\_-agoAgB2rej6xkpR2DDcDwn3GB3QZAHGB9By8t0iOs694](https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669011002081?casa_token=S4UHOpoxZwQAAAAA:10lt6I9g9Pb2vGb_u46zhqmRqjG9mU_-agoAgB2rej6xkpR2DDcDwn3GB3QZAHGB9By8t0iOs694) Acesso em: 20 dez. 2018.
- ARAÚJO, IM da S. et al. Caracterização físico-química do óleo de genótipos de mamona. In: Embrapa Algodão-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA**, 3., 2008, Salvador. Energia e ricinoquímica: anais. Salvador: SEAGRI: Embrapa Algodão, 2008. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/277422/1/OCP12.pdf> Acesso em: 10 dez. 2018.
- ARMENDÁRIZ, Jaime et al. Evaluation of eleven genotypes of castor oil plant (*Ricinus communis* L.) for the production of biodiesel. **Industrial Crops and Products**, v. 77,

p. 484-490, 2015. Disponível em: [https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669015303897?casa\\_token=KDDN8VvUt6EAAAAA:GTA4bGhDXYfqI5KpZl1ob4YBrA5NSZU78EQmzIG3DCIrrpXyekcv8P2p0TLKmyWEgknVIJwujvew](https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669015303897?casa_token=KDDN8VvUt6EAAAAA:GTA4bGhDXYfqI5KpZl1ob4YBrA5NSZU78EQmzIG3DCIrrpXyekcv8P2p0TLKmyWEgknVIJwujvew) Acesso em: 19 de dez. 2018.

AZEVEDO, DMP de; LIMA, E. F. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2001.

BACKES, Rogério Luiz et al. Correção do efeito ambiental em ensaios de famílias de soja, intercaladas com testemunhas, para predição de ganhos por seleção. **Ciência Rural**, v. 33, n. 6, p. 1005-1011, 2003. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782003000600003&script=sci\\_arttext&tlng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782003000600003&script=sci_arttext&tlng=pt) Acesso em: 28 dez. 2019.

BAHIA, Henrique Fortes et al. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 3, p. 357-362, 2008. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci_arttext) Acesso em: 02 ago. 2020.

BAJAY, Miklos Maximiliano et al. Development of a novel set of microsatellite markers for castor bean, *Ricinus communis* (Euphorbiaceae). **American Journal of Botany**, v. 98, n. 4, p. e87-e89, 2011. Disponível em: <https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.3732/ajb.1000395> Acesso em: 03 ago. 2020.

BAJAY, M. M.; PINHEIRO J. P.; BATISTA, C. E. A.; NÓBREGA, M. B. M.; ZUCCHI M. I. Development and characterization of microsatellite markers for castor (*Ricinus communis* L.), an important oleaginous species for biodiesel production. *Conservation Genetic Resources*, Durham, 2009. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs12686-009-9058-z> Acesso em: 13 ago. 2020.

BANZATO, D.A.; KRONKA, S.N. **Experimentação agrícola**. 4.ed. Jaboticabal: FUNEP, 2006. 237p.

BEARZOTI, E. **Comparação entre os métodos estatísticos na avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento**. Lavras: UFLA, 1994. 128p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

BELTRÃO, NE de M. A Cadeia da mamona no Brasil, com ênfase para o segmento P&D: estado da arte, demandas de pesquisa e ações necessárias para o desenvolvimento. **Embrapa Algodão-Documentos (INFOTECA-E)**, 2006. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/274804/1/DOC129.PDF> Acesso em: 20 dez. 2019.

BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. Woodbury: **Stemma Press**, 2002, 360p. Disponível em: [https://bernardo-group.org/wp-content/uploads/2019/11/BQTP3e\\_Sample\\_Pages.pdf](https://bernardo-group.org/wp-content/uploads/2019/11/BQTP3e_Sample_Pages.pdf) Acesso em: 19 dez. 2019.

BERED, Fernanda; BARBOSA NETO, José Fernandes; CARVALHO, Fernando Irajá Félix de. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384781997000300026&script=sci\\_abstract&tlng=es](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384781997000300026&script=sci_abstract&tlng=es) Acesso em: 05 jan. 2020.

BERTOZZO, Fernanda; LARA, Ana Carolina da Costa; ZANOTTO, Maurício Dutra. Genetic improvement of castor bean in order to increase female flowers. **Bragantia**, v. 70, n. 2, p. 271-277, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000200004> Acesso em: 22 fev. 2019.

BORÉM, Aluizio; MIRANDA, Glauco Vieira. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. 529 p.

BOTSTEIN, David et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, v. 32, n. 3, p. 314, 1980. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1686077/> Acesso em: 13 ago. 2020.

BRASIL. Lei no. 9.456, de 25 de abril de 1997. Institui a Lei de Proteção de Cultivares e dá outras providências. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/LEIS/L9456.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/LEIS/L9456.htm) Acesso em: 10 jan. 2020

BRASILEIRO, H. S. **Seleção de linhagens elites de mamoneira por meio de marcadores microssatélites e caracteres teor de óleo e peso de sementes por planta**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 76f, 2014. Disponível em: [https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205\\_2014-CJGPB](https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205_2014-CJGPB)

BRASILEIRO, H. S. S **Análise genética molecular de linhagens de mamoneira para obtenção de híbridos via cruzamentos dialélicos**. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 70f, 2019.

CARDOSO, G. D. Avaliação da produtividade e teor óleo de dez genótipos de mamoneira cultivados em altitude inferior a 300 metros. **Revista Ciência Agronômica**, v.37, n.2, p. 188-194, 2006. Disponível em: <http://www.redalyc.org/html/1953/195320521013/> Acesso em: 15 nov. 2018.

CARRARO, Alecyr Reis; DA SILVA CÉSAR, Aldara; CONEJERO, Marco Antonio. Potencial para produção de biodiesel no Brasil. **AgroANALYSIS**, v. 38, n. 5, p. 21-22, 2019. Disponível em: [https://scholar.google.com.br/scholar?hl=pt-BR&as\\_sdt=0%2C5&q=POTENCIAL+PARA+PRODUC%CC%A7A%CC%83O+DE+BIODIESEL+NO+BRASIL&btnG=](https://scholar.google.com.br/scholar?hl=pt-BR&as_sdt=0%2C5&q=POTENCIAL+PARA+PRODUC%CC%A7A%CC%83O+DE+BIODIESEL+NO+BRASIL&btnG=) Acesso em: 23 jan. 2020.

CERQUEIRA, L. S. **Variabilidade genética e teor de óleo em mamoneira visando ao melhoramento para região de baixa altitude**. 2008. Tese de Doutorado. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas. Disponível

em: <https://ufrb.edu.br/pgcienciasagrarias/teste/category/26-ano-2011?download=301> Acesso em: 20 nov. 2018.

CHAN, Agnes P. et al. Draft genome sequence of the oilseed species *Ricinus communis*. **Nature biotechnology**, v. 28, n. 9, p. 951-956, 2010. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nbt.1674> Acesso em: 21 jan. 2019.

CHAUDHARI, Bharat A. et al. Assessment of genetic diversity in castor (*Ricinus communis* L.) using microsatellite markers. **Biosci Biotechnol Res Asia**, v. 16, n. 1, p. 61-69, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.13005/bbra/2721> Acesso em: 13 ago. 2020.

COSTA, Lenise Viana; OLIVEIRA, Elaine Cristina Alves Martins; PIRES, Nara Raianne Oliveira. Biodiesel: Mamona e dendê como culturas energéticas. **Revista Eletrônica de Energia**, v. 5, n. 2, 2015. Disponível em: <https://revistas.unifacs.br/index.php/ree/article/view/3298> Acesso em: 23 jan. 2020.

CROSSA, J.; FRANCO, J. **Statistical methods for classifying genotypes. Euphytica**, v. 137, p. 19-37, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. v.1. 480p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

DE CASTRO LINS, Venuzia; DE SOUSA, Eliane Pinheiro. Efeitos da produção de mamona no Ceará sob a ótica dos agricultores familiares. **Novos Cadernos NAEA**, v. 22, n. 2, 2019. Disponível em: <https://periodicos.ufpa.br/index.php/ncn/article/view/5340> Acesso em: 21 jan. 2020.

DE SOUZA MADALENA, Lilian Cristina et al. Uma revisão do uso do óleo de rícino proveniente da Mamona (*Ricinus communis* L.), em diversos setores industriais e combustíveis. **Acta Iguazu**, v. 6, n. 5, p. 1-12, 2017. Disponível em: <http://e-revista.unioeste.br/index.php/actaiguazu/article/view/18455> Acesso em: 20 jan. 2020.

DE MEDEIROS NÓBREGA, Márcia Barreto. **MELHORAMENTO DA MAMONEIRA NO BRASIL**

DEMORE, Paula dos Santos. Seleção assistida por marcadores moleculares microsatélites para resistência ao oídio em soja. 2008. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/92660> Acesso em: 02 ago. 2020.

DHARAJIYA, Darshan T. et al. Genome-wide microsatellite markers in castor (*Ricinus communis* L.): Identification, development, characterization, and transferability in Euphorbiaceae. **Industrial Crops and Products**, v. 151, p. 112461, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2020.112461> Acesso em: 11 ago. 2020.

DIAMANTINO, Maria Selma Alves Silva et al. Morphology and viability of castor bean genotypes pollen grains. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 1, p. 77-83, 2016  
Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v38i1.25981> Acesso em: 02 fev. 2019.

DO VAL, Aurinete Daienn Borges et al. Use of molecular markers SSR and SCAR for identification of olive accessions. **Bioscience Journal**, v. 36, n. 4, 2020. Disponível em: <http://200.19.146.79/index.php/biosciencejournal/article/view/47959> Acesso em: 10 ago. 2020.

TOPPA, Eder Victor Braganti; JADOSKI, Cléber Junior. O uso de marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 1, p. 1-5, 2013. Disponível em : <http://saber.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/4552> Acesso em: 03 mar. 2020.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Disponível em: <http://www.cnpa.embrapa.br/produtos/mamona/>

FAOSTAT. Castor Oil Seeds. United Nations Food and Agriculture Organization, 2020. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/em/#data/QC>>. Acesso em: 02 jan. 2020.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. Hawaii Plant. Records, 1956, v. 55, p. 191-208, Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2529707> Acesso em: 17 nov. 2018.

FERREIRA, Renan Silva; MELO, André Souza. ANÁLISE DAS FONTES DE CRESCIMENTO DO VALOR BRUTO DA PRODUÇÃO DA MAMONA NO PERÍODO DE 1990 A 2016. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, n. 2, p. 487-513, 2019. Disponível em: <https://search.proquest.com/openview/c312d4a1729cb3db6d0dd85258fd8f34/1?pq-origsite=gscholar&cbl=2032621> Acesso em: 10 jan. 2020.

FOSTER, Jeffrey T. et al. Single nucleotide polymorphisms for assessing genetic diversity in castor bean (*Ricinus communis*). **BMC Plant Biology**, v. 10, n. 1, p. 1-11, 2010. Disponível em: <https://bmcplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2229-10-13> Acesso em: 01 fev. 2019.

FREIRE, E. C.; LIMA, E. F.; ANDRADE, F. P.; MILANI, M; NÓBREGA, M. B. M. Melhoramento Genético. In: AZEVEDO, D. M. P.; BELTRÃO, N. E. M. (ed.). **O Agronegócio da mamona no Brasil**. 2.ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2007. p.169-194.

FREITAS, J. G. et al. Comportamento da cultivar de mamona brs energia cultivada sob duas densidades de plantio em Irecê, BA. In: **Embrapa Algodão-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA, 4.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE OLEAGINOSAS ENERGÉTICAS, 1., 2010, João Pessoa. Inclusão social e energia: anais. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2010. Disponível em:

<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/857829/1/MAN01.pdf> Acesso em: 30 jan. 2020.

GODOY, I. J. de.; SAVY FILHO, A.; TANGO, J. S.; UNGARO, M. R. G.; MARIOTTO, P. L. **Programa Integrado de Pesquisa. Oleaginosas**. São Paulo. Coordenadoria de Pesquisa Agropecuária da Secretaria de Agricultura. 33p., 1985.

GISLUM, René et al. Characterisation of castor (*Ricinus communis* L.) seed quality using fourier transform near-infrared spectroscopy in combination with multivariate data analysis. **Agriculture**, v. 8, n. 4, p. 59, 2018. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/8/4/59> Acesso em: 09 jan. 2020.

GUIMARÃES, Camila Coelho et al. Redução da emissão de material particulado em função da inserção de misturas do biodiesel de soja e mamona ao diesel. **Engenharia Sanitaria e Ambiental**, v. 23, n. 2, p. 355-362, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/s1413-41522018168718> Acesso em: 18 jan.2020.

HAIR JUNIOR, J. F., BLACK, W. C., BABIN, B. J., ANDERSON., R. E. TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, 2020. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>. Acesso em: 04 jan. 2020.

JENA, Jitendra; GUPTA, A. Kumar. *Ricinus communis* Linn: a phytopharmacological review. **International Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences**, v. 4, n. 4, p. 25-29, 2012. Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Jitendra\\_Jena/publication/235417877\\_Ricinus\\_communis\\_linn\\_A\\_phytopharmacological\\_review/links/02e7e51a4eb786c21c000000/Ricinus-communis-linn-A-phytopharmacological-review.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Jitendra_Jena/publication/235417877_Ricinus_communis_linn_A_phytopharmacological_review/links/02e7e51a4eb786c21c000000/Ricinus-communis-linn-A-phytopharmacological-review.pdf) Acesso em: 03 jan. 2019.

KANTI, Meena et al. Agro-morphological and molecular diversity in castor (*Ricinus communis* L.) germplasm collected from Andaman and Nicobar Islands, India. 2015. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/283125113\\_Agromorphological\\_and\\_Molecular\\_Diversity\\_in\\_Castor\\_Ricinus\\_communis\\_L\\_Germplasm\\_Collected\\_from\\_Andaman\\_and\\_Nicobar\\_Islands\\_India](https://www.researchgate.net/publication/283125113_Agromorphological_and_Molecular_Diversity_in_Castor_Ricinus_communis_L_Germplasm_Collected_from_Andaman_and_Nicobar_Islands_India) Acesso em: 05 jan. 2019.

KRUG, C. A.; MENDES, P. Teixeira. Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.) I: plano geral dos trabalhos em execução nas secções de genética e plantas oleaginosas do instituto agrônômico do estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 2, n. 5, p. 129-154, 1942. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051942000500001> Acesso em: 18 jan. 2019.

KRUG, C. A.; MENDES, Pedro Teixeira; SOUZA, GF de. Melhoramento da mamoneira (*Ricinus communis* L.) III. Primeira série de ensaios de variedades (1937/38-1938/39). **Bragantia**, v. 3, n. 5, p. 85-122, 1943. Disponível em: [https://scholar.google.com.br/scholar?hl=pt-BR&as\\_sdt=0%2C5&q=Melhoramento+da+mamoneira+%28Ricinus+communis+L.%](https://scholar.google.com.br/scholar?hl=pt-BR&as_sdt=0%2C5&q=Melhoramento+da+mamoneira+%28Ricinus+communis+L.%)

29+III%3A+primeira+se%CC%81rie+de+ensaios+de+variedades+%281937%2F38+-+1938%2F39%29&btnG= Acesso em: 18 jan. 2019.

KUMAR, Manoj. A review on phytochemical constituents and pharmacological activities of *Ricinus communis* L. **Plant. International Journal of Pharmacognosy and Phytochemical Research**, v. 9, n. 4, p. 466-472, 2017. Disponível em: <http://impactfactor.org/PDF/IJPPR/9/IJPPR,Vol9,Issue4,Article3.pdf> Acesso em: 03 jan. 2019.

MACHADO, E. L.; SILVA, S. A.; FERNANDES, L. S.; BRASILEIRO, H. S. Genetic variability and homozygosity in a F4 castor bean population by microsatellite markers, *Revista Bragantia*, p.1-7, 2016. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S000687052016005008103&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S000687052016005008103&script=sci_arttext) Acesso em: 12 ago, 2020.

MACHADO, E. L.; SANTOS, A. de S.; SILVA, S. A.; AZEVEDO NETO, A. D. Otimização e validação do método analítico gravimétrico e teor de óleo em uma população F3 de mamoneira da UFRB. **Revista Magistra**, v. 26, p. 198-205, 2014 Disponível em: <https://magistraonline.ufrb.edu.br/index.php/magistra/article/view/454>

MACHADO, E. L.; SILVA, S. A.; SANTOS, A. S.; BASTOS, L. A.; PESTANA, C. N.; SANTOS, K. S.; FERREIRA, C. F.; DIAMANTINO, M. S. A. S. Dissimilaridade genética entre cultivares de mamoneira por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.48, n.3, p.342-345, 2013. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2013000300014&script=sci\\_arttext&tlng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2013000300014&script=sci_arttext&tlng=pt) Acesso em: 18 ago. 2020.

MACHADO, Edna Lobo et al. Design and validation of SSR microsatellite primers for castor bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 48, n. 11, p. 1457-1463, 2013. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20143133417> Acesso em: 18 ago. 2020.

MAIA, L.H. **Síntese de polímeros derivados de óleo de mamona com estireno e copolimerizados via radicais livres** Tese (Doutorado) Universidade Federal do Ceará. – UFC, Fortaleza, 96f, 2019.

MILACH, SCK. Marcadores moleculares nos recursos genéticos e no melhoramento de plantas. Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro. Petrolina: **Embrapa Semiárido**, 1999. Disponível em: <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/marcadormolecular.pdf> Acesso em: 27 Jul. 2020.

MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. M.; ANDRADE, F. P. **Andamento e perspectivas do programa de melhoramento de mamona da Embrapa**. Centro Nacional de Pesquisa de Algodão, Documentos 226, Campina Grande - PB, p. 26, 2009.

MILANI, M.; ANDRADE, F. P. de; FREIRE, R. M. M.; SILVA, G. A. da; MOTA, J. R.; ANDRADE, C. C. de. Genótipos de porte médio de mamona avaliados em Irecê (BA) para teor de óleo e produtividade. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA**, 3., 2008, Salvador. Energia e ricinoquímica: resumos. Salvador: SEAGRI: Embrapa

Algodão, 2008. p. 75 <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/277927/genotipos-de-porte-medio-de-mamona-avaliados-em-irece-ba-para-teor-de-oleo-e-productividade> Acesso em: 13 mai. 2020.

MORAES, Patrícia Favoretto et al. Expressão gênica diferencial em genótipos de mamona (*Ricinus communis* L.) submetidos a déficit hídrico induzido por PEG. **Bragantia**, v. 74, n. 1, p. 25-32, 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/pdf/brag/v74n1/0006-8705-brag-74-1-25.pdf> Acesso em: 30 jul. 2020.

MUBOFU, Egid B. Castor oil as a potential renewable resource for the production of functional materials. *Sustainable Chemical Processes*, v. 4, n. 1, p. 1-12, 2016. Disponível em: <https://sustainablechemicalprocesses.springeropen.com/articles/10.1186/s40508-016-0055-8> Acesso em: 24 nov. 2018.

MUNIZ, João Vitor Rego. Uso do óleo de mamona como aditivo no banho de eletrodeposição de zinco em chapas de aço sae 1008. 2019. Disponível em: <http://hdl.handle.net/123456789/4318> Acesso em: 30 nov. de 2018.

MUTLU, H.; MEIER, M.A.R. Castor oil as a renewable resource for the chemical industry. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v.112, p. 10- 30, 2010. <https://doi.org/10.1002/ejlt.200900138> Disponível em: <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US201301801876> Acesso em: 20 nov. 2018.

NOGUEIRA, A. P. O; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas ultimas décadas. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.

NUNES, Marta Regina dos Santos; MARTINELLI, Marcia; PEDROSO, Marcelo Monteiro. Epoxidação do óleo de mamona e derivados empregando o sistema catalítico VO (acac) 2/TBHP. **Química nova**. São Paulo. Vol. 31, n. 4 (jun. 2008), p. 818-821, 2008. Disponível em: <https://www.scielo.br/pdf/qn/v31n4/a21v31n4> Acesso em: 11 jan. 2019.

OLIVEIRA, Eder Jorge et al. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 2, p. 294-307, 2006. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1415-47572006000200018&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1415-47572006000200018&script=sci_arttext) Acesso em: 10 ago. 2020.

OLIVEIRA, MC de S. et al. Fundamentos teóricos-práticos e protocolos de extração e de amplificação de DNA por meio da técnica de reação em cadeia de polimerase. São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste, 2007. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/48295/1/LivroProtMolecular.pdf> Acesso em: 21 jan. 2019.

OLIVEIRA, R. S.; SILVA, S. A.; BRASILEIRO, B. P.; MEDEIROS, E. P.; SANTOS, E. V. A. Genetic divergence on castor bean using the ward-mlm strategy. **Revista**

**Ciência Agrônômica**, v. 44, p. 564-570, 2013. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1806-66902013000300019](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902013000300019) Acesso em: 02 ago. 2020.

PASSOS, Adriana Rodrigues et al. Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 7, p. 709-714, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000700011> Acesso em: 02 ago. 2020.

PEREIRA, Messias Gonzaga; PEREIRA, Telma Nair Santana; VIANA, Alexandre Pio. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento genético do maracujazeiro. Maracujá: Germoplasma e Melhoramento Genético, p. 275-292, 2005. Disponível em: [http://ivrtpm.cpac.embrapa.br/homepage/capitulos/cap\\_11.pdf](http://ivrtpm.cpac.embrapa.br/homepage/capitulos/cap_11.pdf) Acesso em: 02 mar. 2020.

PETERNELLI, Luiz Alexandre et al. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, 2009. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782009000900007&script=sci\\_arttext&tlng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782009000900007&script=sci_arttext&tlng=pt) Acesso em: 10 fev. 2020.

PRANAVI, B. SITARAM G, K.N. YAMINI, V. Dinesh Kumar. Development of EST–SSR markers in castor bean (*Ricinus communis* L.) and their utilization for genetic purity testing of hybrids Genome, 2011. 54:684-691 Disponível em: <https://doi.org/10.1139/g11-033> Acesso em: 15 ago. 2020.

RADHAMANI, T. et al. Response to water stress in castor (*Ricinus communis* L.) genotypes under in vitro conditions. **Journal of Cereals and Oilseeds**, v. 3, n. 4, p. 56-58, 2012. Disponível em: [http://www.academicjournals.org/app/webroot/article/article1379173808\\_Radhamani%20et%20al.pdf](http://www.academicjournals.org/app/webroot/article/article1379173808_Radhamani%20et%20al.pdf). Acesso em: 20 nov. 2018.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. B. Genética na agropecuária. 5. ed. São Paulo: Globo, 2012. Disponível em: <https://www.vetarq.com.br/2016/10/livro-genetica-agropecuaria-pdf.html> Acesso em: 01 mar. 2019.

RANA, Manpreet et al. *Ricinus communis* L.—a review. **International Journal of PharmTech Research**, v. 4, n. 4, p. 1706-1711, 2012. Disponível em: [https://www.doc-developpement-durable.org/file/Plantes-Medicinales-Aromatiques/FICHES\\_PLANTES/ricin/RICINUS%20COMMUNIS\\_Research%20Journal%20Chemistry.pdf](https://www.doc-developpement-durable.org/file/Plantes-Medicinales-Aromatiques/FICHES_PLANTES/ricin/RICINUS%20COMMUNIS_Research%20Journal%20Chemistry.pdf) Acesso em: 15 nov. 2018.

SALIHU, B. Z.; GANA, Andrew K.; APUYOR, B. O. Castor oil plant (*Ricinus communis* L.): botany, ecology and uses. **International Journal of Science and Research**, v. 3, n. 5, p. 1333-1341, 2014. Disponível em: <https://www.ijsr.net/archive/v3i5/MDIwMTMyMDY1.pdf> Acesso em: 14 nov. 2018.

SAMPAIO FILHO, O. M.; SILVA, S. A.; BAHIA, H. F.; SILVA, M. S. DA; CARVALHO, D. DOS S. Análise descritiva de cultivares de mamoneira em dois anos de cultivo no

recôncavo baiano. **Revista Brasileira de Educação Ambiental**, 2011. v. 6, n. 1, p. 28-34 Disponível em: <https://periodicos.unifesp.br/index.php/revbea/article/view/1755> Acesso em: 10 jan. 2019.

SANTOS, Maria Aparecida dos; NICOLÁS, Marisa Fabiana; HUNGRIA, Mariangela. Identification of QTL associated with the symbiosis of *Bradyrhizobium japonicum*, *B. elkanii* and soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 67-75, 2006. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2006000100010&script=sci\\_arttext&tlng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2006000100010&script=sci_arttext&tlng=pt) Acesso em: 28 ago. 2020.

SANTOS, L. A. **Caracterização e seleção de linhagens elites de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio do desempenho morfoagronômico e molecular no Estado da Bahia**. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 85 f, 2013.

SANTOS, Laurenice Araujo dos et al. Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, v. 49, n. 1, 2019. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782019000100400&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782019000100400&script=sci_arttext) Acesso em: 02 set. 2020.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. 2008. 131 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SAVY FILHO, A. **Mamona tecnologia agrícola**. Emopi, 2005.

SAVY FILHO, A. Melhoramento da mamona. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, p. 385-407, 1999. p.385- 407

SBIHI, Hassen Mohamed et al. Hexane and ethanol extracted seed oils and leaf essential compositions from two castor plant (*Ricinus communis* L.) varieties. **Industrial Crops and Products**, v. 122, p. 174-181, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.05.072> Acesso em: 12 set. 2020.

SCARPA, Antonio; GUERCI, Antonio. Various uses of the castor oil plant (*Ricinus communis* L.) a review. **Journal of ethnopharmacology**, v. 5, n. 2, p. 117-137, 1982. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0378874182900381> Acesso em: 14 nov. 2018.

SCHNEIDER, R. C. S. **Extração, caracterização e transformação do óleo de rícino**. Tese (Doutorado), Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, 2002. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/17513/000372595.pdf?Acesso> em: 03 mar. 2019.

SENTHILVEL, S., SHAIK, M., ANJANI, K. et al. Variabilidade genética e estrutura populacional em uma coleção de linhagens puras derivadas de um germoplasma

central de mamona. J. **Plant Biochem. Biotechnol.** 26, 27–34 2017. <https://doi.org/10.1007/s13562-016-0356-8> Acesso em: 05 mar. 2020.

SEVERINO, L. S.; MILANI, M.; BELTRÃO, N. E. de M. **Mamona: o produtor pergunta, a Embrapa responde.** Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). Acesso em: 10 nov. 2018.

SHIMOYA, Aldo et al. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 971-980, 2002. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2002000700011%094&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2002000700011%094&script=sci_arttext) Acesso em: 11 set. 2020.

SILVA, Adielle Rodrigues da et al. Genetic divergence among castor bean lines and parental strains using ward's method based on morpho-agronomic descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 3, p. 307-313, 2017. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1807-86212017000300307&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1807-86212017000300307&script=sci_arttext) Acesso em: 08 jan. 2019.

SILVA, Adielle Rodrigues da et al. Correlations and track analysis for morphoagronomic descriptors in pedigree and parental lines of castor bean. **Ciência Rural**, v. 47, n. 4, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20160808>. Acesso em: 08 jan. 2019.

SILVA, S. A.; CERQUEIRA, L. S.; VILARINHOS, A. D.; AMORIM, E. P.; MOREIRA, R. F.C.; COSTA, M. A. P. C. Variabilidade genética em cultivares de mamona por meio de marcadores RAPD. **Revista Magistra**, v. 24, n. 4, p. 341-347, 2012. Disponível em: [http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb\\_Docs\\_Fonte/BR2013007966.pdf](http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb_Docs_Fonte/BR2013007966.pdf) Acesso em: 03 set. 2020.

SILVA, A. R. da. **Variabilidade genética do banco de germoplasma de mamoneira da ufrb por meio de descritores morfoagronômicos.** Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 88f, 2016.

SILVA, Vlademir. **Características fisiológicas de cultivares de mamoneira (Ricinus communis L.) no Recôncavo baiano.** Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 73 f, 2008.

SILVA, Vlademir. **Divergência Genética, Aptabilidade e Estabilidade e Interação GxE em linhagens elites e seus parentais no estado da Bahia.** Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 2016.

SILVA, Simone Alves et al. Caracterização morfológica e molecular de genótipos de mangaba. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 4, p. 1093-1100, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452013000400021> Acesso em: 30 dez. de 2019.

SIMÕES, K. S. et al. Genetic divergence in elite castor bean lineages based on TRAP markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017. Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/genetic-divergence-in-elite-castor-bean-lineages-based-on-trap-markers-7454.html> Acesso em: 24 jan. de 2019.

SIMÕES, K. S. et al. Joint analysis for oil content and TRAP markers in elite castor bean strains. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 4, 2020. Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/articles/joint-analysis-oil-content-and-trap-markers-elite-castor-bean-strains> Acesso em: 02 jan. 2021.

SOUZA, A.P. et al. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, p.1765-1771, 2000. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0100-204X2000000900009](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2000000900009) Acesso em: 10 fev. 2020.

SOUZA, Elaine Aparecida de et al. Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore**, v. 27, n. 4, p. 427-434, 2003. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622003000400002> Acesso em: 11 fev. 2020.

TÁVORA, F. J. A. **A cultura da mamona**. Fortaleza: EPACE, 1982

TELES, Fábio Luis et al. Mapa genético baseado em marcadores microssatélites e RAPD utilizando populações de melhoramento contrastante para teor de fibra no feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). In: **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2007, São Lourenço. Anais... São Lourenço: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2007. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/215171> Acesso em: 13 set. 2020.

THATIKUNTA, Ramesh et al. Utilization of in silico EST–SSR markers for diversity studies in castor (*Ricinus communis* L.). **Physiology and molecular biology of plants**, v. 22, n. 4, p. 535-545, 2016. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12298-016-0367-x> Acesso em: 20 ago. 2020.

TURCHETTO, C. Marcadores genéticos baseados em DNA. In: TURCHETTOZOLET, A. C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. (Org). Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 2017. 181 p. Disponível em: [https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e\\_book\\_marcadores\\_moleculares\\_sbg\\_2017\\_final.pdf](https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e_book_marcadores_moleculares_sbg_2017_final.pdf) Acesso em: 24 de fev. de 2019.

VASCONCELOS, Santelmo et al. Accessing genetic diversity levels of Brazilian genotypes of castor with AFLP and ISSR markers. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, v. 21, n. 1, p. 24-31, 2016. Disponível em: <https://pap.emnuvens.com.br/pap/article/view/pap.2016.005> Acesso em: 15 de set. de 2020.

VIVODÍK, Martin; GÁLOVÁ, Zdenka; BALÁŽOVÁ, Želmíra. Genetic divergence in Tunisian castor bean genotypes based on trap markers. **Potravinarstvo Slovak Journal of Food Sciences**, v. 14, p. 510-518, 2020. Disponível em: <https://potravinarstvo.com/journal1/index.php/potravinarstvo/article/view/1292> Acesso em: 01 de out. de 2020.

VOS, Pieter et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic acids research**, v. 23, n. 21, p. 4407-4414, 1995. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/23.21.4407> Acesso em: 22 de set. de 2020.

WEISS, Edward A. et al. Oilseed crops. Blackwell Science, 2000.

ZANELLA, C. M. et al.,. Microssatélites: Metodologias de identificação e análise. In: TURCHETTOZOLET, A. C; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. (Org). **Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações**. Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181 p. Disponível em: [https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e\\_book\\_marcadores\\_moleculares\\_sbg\\_2017\\_final.pdf](https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e_book_marcadores_moleculares_sbg_2017_final.pdf) Acesso em: 24 de fev. de 2019.

ZENI NETO, Hugo et al. Genetic diversity and population structure of sugarcane (*Saccharum spp.*) accessions by means of microsatellites markers. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2020. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S180786212020000102014&lng=en&nrm=iso](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S180786212020000102014&lng=en&nrm=iso) Acesso em: 26 de set. de 2020.

ZHANG, Xue et al. Genetic Diversity and Population Structure of *Rhododendron rex* Subsp. *rex* Inferred from Microsatellite Markers and Chloroplast DNA Sequences. **Plants**, v. 9, n. 3, p. 338, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/9/3/338> Acesso em: 26 de set. de 2020.

# **CAPÍTULO I**

**Desempenho produtivo de uma família F2 de *Ricinus communis* L. por meio de caracteres morfoagronômicos**

## **Desempenho produtivo de uma família F<sub>2</sub> de *Ricinus communis* L. por meio de caracteres morfoagronômicos**

Autora: Ilneide Braz Santos de Jesus

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

**RESUMO:** Em programas de melhoramento é essencial o conhecimento da variabilidade existente, nesse sentido a caracterização do desempenho morfoagronômico faz-se necessários, pois permitem conhecer a base genética da população, identificar as melhores constituições genética para seleção, como também direcionar o processo de condução das próximas gerações. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho produtivo de uma família F<sub>2</sub> de *Ricinus communis* L., quanto aos caracteres morfoagronômicos de maior importância para condução das próximas gerações do Programa de Melhoramento Genético (NBIO) de *R. communis*. O experimento foi conduzido entre os meses de maio a dezembro de 2018, no campo experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (UFRB/NBIO). O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados. Foram avaliadas 16 variáveis morfoagronômicas: florescimento (FLO), inserção do racemo primário (IRP), diâmetro do caule (DC), número de Internódios do Caule (NIC), estatura da planta (EP), comprimento do racemo (CR), número de frutos por racemo (NFR), peso dos frutos por racemo (PFR), número de semente por racemo (NSR), peso de semente por racemo (PSR), número de semente por plantas (NSP), peso de sementes por plantas (PSP), número de frutos por plantas (NFP), produtividade (PROD), peso de 100 sementes (P100), teor de óleo (TOS). Os dados foram submetidos a análises descritivas e de variância. Em seguida, foram estimadas as correlações fenotípicas entre as variáveis. Também foi aplicada a análise de componentes principais, para identificação da contribuição relativa de cada variável na diferenciação dos genótipos. Os resultados indicam a existência de variabilidade genética na população F<sub>2</sub>. As análises revelam a possibilidade de que há forte correlação entre alguns caracteres, possibilitando as seleções indiretas. O caráter TOS não apresentou correlação significativa com as demais variáveis estudadas, sendo necessária uma seleção direta para o caráter produtivo teor de óleo na semente, quanto ao melhoramento para o caráter, utilizando métodos robustos e auxiliados por informações moleculares para reduzir o efeito do ambiente no caráter poligênico. A análise de componentes principais das variáveis avaliadas revelou que os dois primeiros componentes principais explicaram 55,59% da variação total. Os caracteres que promoveram maior contribuição na diferenciação dos genótipos neste estudo foram: PRO, NFP, NSP, PSP, PFR, PSR, CT NFR e P100. Todavia, como se trata de características influenciada pelo ambiente, deve-se proceder a seleção em gerações avançadas.

**Palavras-chave:** Variabilidade, correlação, caráter poligênico.

## **Productive performance of a F2 family of *Ricinus communis* L. by means of morpho-agronomic traits**

Author: Ilneide Braz Santos de Jesus

Adviser: Dra. Simone Alves Silva

**ABSTRACT:** In breeding programs it is essential to know the existing variability, in this sense, the characterization of the morpho-agronomic performance is necessary, as they allow to know the genetic basis of the population, to identify the best genetic constitutions, as well as to direct the process of conducting the next ones generations. Therefore, this study aimed to evaluate the productive performance of the F2 gene family of *Ricinus communis* L. in Recôncavo da Bahia, regarding the morpho-agronomic traits of greatest importance for conducting of the next generations of the Genetic Breeding Program (NBIO) of *Ricinus communis* L. The experiment was carried out from May to December 2018, in the experimental field of the Federal University of Recôncavo da Bahia, Center for Genetic improvement and Biotechnology (UFRB / NBIO). The experimental design used was that of augmented blocks. Sixteen morphoagronomic variables were evaluated: flowering (FLO), insertion of the primary raceme (IRP), stem diameter (DC), number of stem internodes (NIC), plant height (EP), length of the raceme (CR), number number of fruits per raceme (NFR), weight of fruits per raceme (PFR), number of seeds per raceme (NSR), seed weight per raceme (PSR), number of seeds per plant (NSP), weight of seeds per plant (PSP), number of fruits per plant (NFP), productivity (PROD), weight of 100 seeds (P100), oil content (TOS). The data were submitted to descriptive and variance analyzes. Then, the phenotypic correlations between the variables were estimated. Principal component analysis was also applied to identify the relative contribution of each variable to the differentiation of genotypes. The results indicate the existence of genetic variability in the F2 population. The analyzes reveal the possibility that there is a strong correlation between some traits, making indirect selections possible. The trait TOS did not present significant correlation with the other studied variables, being necessary a direct selection for the productive trait oil content in the seed, regarding the improvement for the trait, using robust methods and aided by molecular information to reduce the effect of the environment in the polygenic trait. The principal components analysis of the evaluated variables revealed that the first two main components explained 55.59% of the total variation. The traits that promoted the greatest contribution to the differentiation of genotypes in this study were: PRO, NFP, NSP, PSP, PFR, PSR, CT NFR and P100. However, as these are characteristics influenced by the environment, selection must be carried out in advanced generations.

**Keywords:** Variability, correlation, polygenic trait.

## 1 INTRODUÇÃO

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma espécie oleaginosa, pertencente à família *Euphorbiaceae*. Embora não seja comestível, esta cultura possui elevada importância socioeconômica, tendo como principal produto o óleo contido de suas sementes, cujo este possui excelentes propriedades, e vasta aplicação industrial, farmacêutica e agrícola (MUBOFU, 2016). Além disso, é uma cultura de fácil propagação e possui boa adaptabilidade a diferentes condições climáticas (FERREIRA e MELO, 2019). Devido a estas características, a mamona é encontrada e cultivada em várias regiões do mundo. Entre os principais países produtores destacam-se a Índia, Moçambique, China e o Brasil (FAOSTAT, 2017).

No Brasil, acredita-se que a mamoneira tenha sido introduzida durante o período colonial, onde adaptou-se muito bem (KOURI *et al.* 2004). O clima tropical do país facilitou a sua propagação, sendo encontrada em todo território nacional. Atualmente sua produção está concentrada no semiárido nordestino, sendo o estado da Bahia o maior representante da cultura, com a produção de 12.431t (IBGE, 2018), correspondendo a 87,39% da produção nacional. Sendo em maior parte cultivada por pequenos e médios produtores (SAVY FILHO *et al.*, 1999).

No entanto, o sistema de produção e cultivo utilizados ainda são bastante precários, comprometendo o rendimento médio da produção, que corresponde à 286 kg ha<sup>-1</sup>, o que coloca a Bahia em quinto lugar neste quesito, em relação aos demais estados (Minas Gerais (1000 kg ha<sup>-1</sup>), Mato Grosso (870 kg ha<sup>-1</sup>), Piauí (500 kg ha<sup>-1</sup>), Pernambuco (400 kg ha<sup>-1</sup>) e Ceará (207 kg ha<sup>-1</sup>) (IBGE, 2018).

De acordo FERREIRA e MELO (2019), o principal motivo para a baixa produtividade da cultura é a falta de utilização de material tecnológico de qualidade, o emprego de cultivares pouco produtivas e adaptadas a região de cultivo. Nesse sentido, programas de melhoramento podem auxiliar no desenvolvimento de cultivares mais produtivas, precoces, de fácil adaptabilidade, baixa estatura, alto teor de óleo, resistentes a pragas e doenças, etc. (EMBRAPA, 2013; FREIRE *et al.* 2007; BAHIA, 2008; SILVA, 2018). Estas características podem ser obtidas e transferidas por meio de programas de melhoramento que envolvam hibridações, para obtenção de novas constituições genéticas, envolvendo preferencialmente genótipos que sejam divergentes e que possibilitem seleções aplicadas aos caracteres de interesse. Neste sentido, a caracterização e o conhecimento sobre o desempenho morfoagronômicos

fazem-se necessários em programas de melhoramento vegetal, principalmente quando se trata de gerações iniciais, uma vez que permitem aos melhoristas o conhecimento sobre a base genética da população, identificar as melhores constituições genética para seleção, como também direcionar o processo de condução das próximas gerações.

O programa de Melhoramento genético da mamona o Núcleo de Melhoramento genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), tem contribuído com importantes avanços na tecnologia de produção da mamoneira. Este tem como principal objetivo o desenvolvimento de genótipos superiores para o estado da Bahia, principalmente para regiões semiáridas. Iniciou seus trabalhos em 2005 e desde então vem buscando desenvolver seu programa de melhoramento através de hibridações e seleção de materiais com elevado potencial produtivo e tecnológico.

Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho produtivo de uma família  $F_2$  de *Ricinus communis* L., quanto aos caracteres morfoagronômicos de maior importância para condução das próximas gerações do Programa de Melhoramento Genético (NBIO) de *R. communis* L.

## **2 METODOLOGIA**

### **2.1. População experimental**

Os dados foram coletados da população  $F_2$  (geração segregante) de *Ricinus communis* L. oriunda da autofecundação da geração  $F_1$ , do cruzamento de duas linhagens parentais homozigotas (UFRB160 x UFRB176), do programa de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO), em que estas são contrastantes para os seguintes descritores: estatura da planta, produtividade, número de sementes por racemo, florescimento, peso de sementes por racemo e teor de óleo (BRASILEIRO, 2014, 2019; SILVA *et al.*, 2017)

Esta população foi desenvolvida na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas – Bahia, situado no

Recôncavo Baiano, entre as coordenadas geográficas 12° 40' 19" latitude sul, 39° 06' 23" de longitude oeste de Greenwich e em altitude média de 220m (EMBRAPA, 1993).

A área onde foi instalado o experimento foi devidamente preparada, com realização de aração e gradagem; com base na análise de solo, foi feita a correção da acidez aplicando 1200kg de calcário/ha<sup>-1</sup>. Posteriormente procedeu-se com a adubação na cova de plantio, com a dosagem de 20 kg.ha<sup>-1</sup> de N, 80 kg.ha<sup>-1</sup> de P e 40 kg.ha<sup>-1</sup> de K.

O plantio foi feito por meio de semeadura direta no campo, utilizando três sementes por genótipo, com posterior desbaste. Aproximadamente, 30 dias após o plantio, foi realizado o desbaste manual deixando-se uma planta, a mais vigorosa, por cova.

O experimento foi implantado no dia 04 de maio de 2018, seguindo o esquema de famílias intercaladas com testemunhas. Este tipo de sistema é uma derivação do delineamento de blocos aumentados proposto por Federer, 1956, no qual as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns (P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>), e as famílias, aos tratamentos regulares (F<sub>2</sub>).

Desta forma, o esquema experimental pode ser assim descrito: a 1ª linha constituída por 10 plantas foi composta pela testemunha (1ª repetição do P<sub>1</sub>); nas próximas linhas (2ª a 4ª), foram semeadas as progênies (F<sub>2</sub>) e a (5ª) linha foi ocupada pela testemunha (1ª repetição do P<sub>2</sub>); e assim sucessivamente, estando distribuídas em quatro blocos. As linhas foram constituídas de uma fileira de 8,8 m, com 12 plantas espaçadas em 0,80 m, sendo as extremidades consideradas bordaduras. Foram avaliadas 40 plantas para cada um dos parentais (P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>) e 75 plantas para a população F<sub>2</sub>.

## **2.2 Descritores avaliados**

Foram avaliados 16 descritores, alguns propostos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - Mapa (BRASIL, 2008) e outros sugeridos pelo UFRB/CCAAB/NBIO (2014), sendo:

**Quadro 1.** Descritores de mamoneira propostos pelo Mapa (BRASIL, 2008) e outros sugeridos pelo Núcleo de Melhoramento e Biotecnologia (NBIO).

<b>Descritores propostos pelo Mapa (BRASIL,2008)</b>		
<b>Descritores</b>	<b>Avaliação</b>	<b>Classes fenotípicas</b>
Florescimento da planta (FLO)	Subtraindo a data de florescimento pela data de germinação.	1. Precoce (até 30 dias). 2. Médio (31 a 60 dias). 3. Tardio (acima de 60 dias).
Inserção do Racemo Primário (IRP)	Medição realizada com uma trena do solo até o ponto de inserção do primeiro racemo.	1. Baixa (< 50 cm). 2. Média (51 a 100cm). 3. Alta (> 100 cm).
Diâmetro do caule (DC)	Medido na parte inferior do caule, utilizando paquímetro digital.	1. Fino (< 3 cm). 2. Médio (3 a 6 cm). 3. Longo (> 5 cm).
Número de Internódios do Caule (NIC)	Contagem da quantidade de cicatrizes presentes no caule.	1. Baixo (até 15). 2. Médio (16 a 18). 3. Alto (> 19).
Estatura da planta (EP)	A distância entre a superfície do solo e a extremidade apical da última folha.	1. Muito baixa (< 100 cm). 2. Baixa (101 a 150 cm). 3. Média (151 a 200 cm). 4. Alta (201 a 250 cm). 5. Muito alta (> 250 cm).
Peso de 100 sementes (P100)	Peso de 100 sementes a 9 % de umidade	1. Baixo (< 40 g). 2. Médio (41 a 55 g). 3. Alto (> 55 g).
<b>Descritores sugeridos pelo NBIO (2014)</b>		
<b>Descritores</b>	<b>Avaliação</b>	
Comprimento do racemo (CR)	Média do comprimento dos três primeiros racemos	
Número de frutos por racemo (NFR)	Média do número de frutos dos três primeiros racemos	

Peso dos frutos por racemo (PFR)	Média do peso dos frutos dos três primeiros racemos
Número de semente por racemo (NSR)	Média da contagem do número de sementes dos três primeiros racemos
Peso de Semente por racemo (PSR)	Média do peso das sementes dos três primeiros racemos
Número de frutos por plantas (NFP)	Contagem do número de frutos dos três primeiros racemos
Número de semente por plantas (NSP)	Contagem do número de sementes dos três primeiros racemos
Peso de sementes por plantas (PSP)	Soma do peso das sementes dos três primeiros racemos, utilizando uma balança analítica
Produtividade (PROD)	Calculada a estimativa em kg ha <sup>-1</sup> por planta
Caráter teor de óleo (TOS)	Expresso em porcentagem, com o uso de técnica de Ressonância Magnética.

### 2.3 Análises estatísticas

Foram realizadas análise descritiva e análise de variância dos dados e os valores médios foram agrupados segundo o teste de Scott e Knott, em nível de 5% de probabilidade. Em sequência, foram observadas as estimativas da correlação de Spearman entre os descritores, avaliados pelo teste t de *Student* ao nível de 1% e 5% de probabilidade. Também foi utilizada a técnica de componentes principais, para identificação da contribuição relativa de cada caráter na diferenciação dos genótipos.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software R (R Development Core Team, 2020), para análises de variância foi utilizado a função (ea1) do pacote easyanova (ARNHOLD, 2019), além desse foram utilizados o pacote agricolae (DE MENDIBURU, 2019) para as análises de correlação e FactoMineR (LÊ et al., 2008) para análise de componentes principais.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos pela análise de variância (ANAVA) dos caracteres morfoagronômicos avaliados dos parentais e da família F2 estão discriminadas nas

tabelas 1 e 2. Foram verificados efeitos significativos ( $p < 0,05$ ) para a maioria dos descritores avaliados, indicando a existência de variabilidade na população.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) apresentaram estimativas entre os valores de 6,27(TOS) a 45,73% (NSP). Descritores como: inserção do racemo primário, florescimento, número de internódios do caule, diâmetro do caule, estatura de planta, comprimento do racemo, número de frutos por racemo, peso de cem sementes e teor de óleo apresentaram CV% abaixo de 25%, enquanto os descritores: número de frutos por planta, peso de frutos por racemo, número de semente por planta, peso de semente por planta e produtividade variaram de 28,4 (PFR) a 45,73% (NSP).

Tabela 1 – Resumo da análise de variância para os descritores Florescimento (FLO), Diâmetro do Caule (DC), Número de Internódios do caule (NIC), Estatura de planta (EP), Comprimento do racemo total (CR), Número de frutos por racemo (NFR), Peso de frutos por racemo e coeficiente de variação experimental da família F2. UFRB/CCAAB/NBIO, Cruz das Almas – BA, 2018.

FV	GL	QUADRADO MÉDIO							
		FLO	IRP	DC	NIC	EP	CR	NFR	PFR
<b>Blocos</b>	3	170,09	746,88	68,11	4,69	0,08	40,67	125,95	358,20
<b>Tratamento</b>	76	115,61**	201,13 <sup>ns</sup>	12,57 <sup>ns</sup>	2,34**	0,06 <sup>ns</sup>	24,03**	283,12**	1086,88**
<b>Resíduos</b>	68	60,01	138,56	12	0,94	0,05	7,51	83	480,52
<b>CVe(%)</b>	-	9,88	15,4	16,2	6,19	19,6	15,2	24,13	28,4
<b>Média Geral</b>	-	78,84	72,75	20,64	15,50	1,12	19,06	40,26	74,86
<b>Min.</b>	-	51,00	36,00	12,78	12,00	0,45	10,00	16,00	23,51
<b>Máx.</b>	-	97,00	113,00	29,18	18,00	1,75	36,00	86,00	169,44

Fonte: Autoria Própria, 2020.

\* Significativo ao nível de 5%

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

NS Não significativo

CVe - Coeficiente de variação experimental.

Min - mínimos

Máx- máximos

De acordo a PIMENTEL-GOMES (2009), os coeficientes de variação que apresentam valores abaixo de 10% ( $CV \leq 10$ ), indicam alta precisão. De 10% a 20% ( $10 \leq CV \leq 20$ ) é considerado de média precisão e valores acima de 20% ( $CV > 30$ ) são considerados elevados, indicando baixa precisão experimental, no entanto essa classificação não leva em consideração a cultura estudada, as variáveis que estão sendo analisadas, tamanho de parcelas, heterogeneidade do solo e do material analisado, dentre outros fatores (COUTO *et al.* 2013; FERREIRA *et al.* 2016).

Desta forma o CV elevado apresentado na população em estudo pode ser justificado por sua característica de população segregantes, que de acordo a Gregory (1967) pode ocorrer quando mais de um gene controla um traço quantitativo (herança poligênica), tal como o peso de sementes e produtividade. O que acarreta a formação de um maior número de classes na geração F<sub>2</sub>, por haver maior frequência de recombinação. O que corrobora ao relatado por Silva *et al.* (2012), que afirma que valores elevados de CV% se devem ao fato da natureza quantitativa e poligênica destes caracteres, sendo bastante influenciados pelo ambiente.

Pela observação dos valores máximos e mínimos (Tabela 1 e 2), também é possível observar a grande magnitude entre e dentro das variáveis analisadas, o que indica influência de diferentes fatores em sua medição.

Tabela 2 – Resumo da análise de variância para os descritores Número de frutos por planta (NFP), Número de sementes por racemo (NSR), Peso de semente por Racemo (PSR), Número de semente por planta (NSP), Peso de semente por planta (PSP) Produtividade (PRO), Peso de cem sementes (P100), Teor de óleo na semente (TOS) e Coeficiente de variação experimental da família F2, UFRB/CCAAB/NBIO. Cruz das Almas-BA, 2018.

FV	GL	QUADRADO MÉDIO							
		NFP	NSR	PSR	NSP	PSP	PRO	P100	TOS
<b>Blocos</b>	3	1860,66	41070,55	1854,57	69034,85	4287,35	143349,9	46,15	10,79
<b>Tratamento</b>	76	2472,95**	1905,35**	357,14**	15963,53**	2918,22**	164789,4**	373,56 **	12,53*
<b>Resíduos</b>	68	1254,03	813,66	133,8	7669	1645,4	95299,3	77,1744	7,97
<b>CVe(%)</b>	-	45,08	34,92	27,25	45,73	43,42	39,28	19,85	6,27
<b>Média Geral</b>	-	85,34	85,36	41,35	203,63	90,34	760,06	39,70	46,14
<b>Min.</b>	-	16,00	13,75	11,11	26,00	11,11	163,45	29,00	39,81
<b>Máx.</b>	-	258,00	205,00	105,47	635,00	297,91	2328,65	87,90	58,90

Fonte: Autoria Própria, 2020.

\* Significativo ao nível de 5%

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

NS Não significativo

CVe - Coeficiente de variação experimental.

Min - valores mínimos

Máx- valores máximos

Na literatura, são relatados CV's para rendimento de mamoneira variando de 12 a 40% (MILANI e FONSECA JUNIOR, 2006; SEVERINO *et al.*, 2006). Valores de coeficiente de variação elevados para os mesmos caracteres relatados no presente estudo foram encontrados por Shimeles *et al.* (2010), Oliveira (2011) que afirmam ser de suma importância por indicarem variabilidade genética na população, o que garante elevado escopo para o melhoramento por meio da seleção.

As médias das características morfoagronômicas dos 75 genótipos de mamoneira de acordo com o teste de Scott-Knott encontram-se na tabela 3, os quais formaram entre dois a quatro grupos. As médias referentes aos dias de florescimento (FLO) foram distribuídas em dois grupos distintos, com valores variando aproximadamente de 51 a 97 dias, com média de 79 dias (tabela 1). Destaque para os genótipos 606 e 607 que apresentaram precocidade quanto ao caráter florescimento, obtendo valores aproximadamente de 51 e 62 dias, respectivamente. A UFRB 348 com florescimento 97 dias, apresenta-se como o genótipo mais tardio (tabela 3).

Resultados semelhantes foram encontrados por Santos (2013), no município de Cruz das Almas, BA, este relatou que o ciclo vegetativo variou de 57 a 96 dias, com média de 78 dias. Oliveira *et al.* (2013) estudando uma população segregante F3 composta por 259 genótipos de mamoneira no Recôncavo da Bahia, verificaram variação de 89 a 92 dias, resultados estes mais elevados em relação aos encontrados no presente estudo.

De acordo com Mittelman *et al.* (2001), plantas que apresentam maior precocidade apresentam maiores retornos econômicos. Além disso, de acordo com Oliveira *et al.* (2013), ciclos de florescimento mais longos aumenta o tempo de permanência da planta no ambiente, ampliando as possibilidades de ataque de pragas e doenças.

A inserção do racemo primário (IRP) variou de 110,54 cm (UFRB 161) a 38,43 cm (UFRB 348), com média de 72,75. Para NIC os genótipos foram reunidos em 4 grupos, obtendo valor médio de 15,44. Maior média foi encontrada no genótipo UFRB 704 (18,32) e a menor (11,28) em UFRB 353.

De acordo com Severino *et al.* (2006) e Pivetta *et al.* (2015) estes descritores estão relacionados entre si e também com a precocidade da planta, uma vez que a inserção do racemo primário dá início a fase reprodutiva da planta, surgindo após o crescimento do caule primário e da emissão de novas folhas e internódios. Em programas de melhoramento de mamoneira busca-se a obtenção de genótipos com menores IRP e NIC, por serem características ligadas à precocidade, sendo considerada mais precoce a planta que lança o cacho principal em menor altura.

Para o caráter estatura de planta, os genótipos foram reunidos em apenas um grupo variando de 0,38 (UFRB 175) a 1,76 m (UFRB 625), com média de 1,13 m. Sendo assim, podemos considerar que os genótipos avaliados na população são classificados possuindo estatura baixa, pois de acordo ao MAPA (2008) as plantas que apresentem estaturas (< 1,00 m) são consideradas muito baixas; (1,01 a 1,50 m) baixa; (1,51 a 2,00 m) médias; (2,01 a 2,50 m) alta; (> 2,50 m) muito alta.

Já GONÇALVES *et al.* (1997) descreveram que até 1,80 m a planta é considerada anã, sendo 2,00 m considerada média e acima de 2,50 m é uma planta alta. Silva *et al.* 2017 avaliando 203 linhagens de mamoneira e cinco parentais verificaram estatura da planta variando de 1,00 a 1,50 m.

O porte reduzido é uma característica requerida no melhoramento da mamoneira, uma vez que, favorece a colheita mecanizada e evita o acamamento

(ALVES *et al.*, 2015), além do mais, plantas que apresentam portes muito elevados dificultam a realização de tratamentos culturais e facilitam a criação de microclima favorável a doenças e pragas (ZUCHI *et al.*, 2010).

Para o caráter diâmetro de caule (DC), as médias foram distribuídas em dois grupos com valor médio de 20,64 cm. A avaliação do diâmetro de caule em mamoneira é importante porque preconiza que as plantas com valores de altura mais baixos têm diâmetros de caule mais grossos e causam problemas na colheita mecânica. Dessa maneira, o ideal é a cultivar possuir caule mais fino e porte reduzido (FREIRE *et al.*, 2001). Os genótipos UFRB348 (13,01 cm), UFRB601 (13,27 cm) e UFRB 618 (13,59 cm) foram os que apresentaram menores as médias para o caráter. O genótipo UFRB 716 apresentou a maior média 28,72 para esta variável.

Em relação a produtividade de grãos e os componentes de produção foram observadas bastantes variações nestes descritores, como pode ser observado pelo agrupamento dos genótipos. Isto ocorre devido a característica quantitativa destes caracteres, ou seja, são controlados por vários genes, além disso, são bastantes influenciadas pelo ambiente apresentando variações contínuas dentro da população, ocorrendo em maior intensidade em caracteres de final de ciclo (BALDISSERA *et al.*, 2014).

Para PFR encontrou-se valores oscilando entre 166,60 g (UFRB180) a 24,41 g (UFRB 162); NFR 82,84 (UFRB161) a 13,51 (UFRB177); NSR 192,89 (UFRB 704) a 10,47 (UFRB 621) e PSR 97,91 g (UFRB 180) a 9,80 g (UFRB 705).

Para o descritor NSP foram observados valores variando de 633,24 (UFRB346) a 15,81 (UFRB 175). O genótipo UFRB 161 apresentou as maiores médias para os descritores PSP (280,50 g), NFP (245,17), PRO (2234,63 kg.ha<sup>-1</sup>), enquanto o genótipo UFRB 175 apresentou as menores médias.

Resultados semelhantes foram encontrados por Passos (2009), avaliando uma população segregante F2 obtendo variações de 11,7 a 54,3 para NFR, 37,7 a 255,0 para NFP, 35 a 163 para NSR, 22,6 g a 256 para PSR, 113 a 765 para NSP, 71,1 a 774,6 g para PSP.

Em relação a produtividade, a população F2 obteve média de (755,66), encontrando valores variando 163,45 a 2328,65 kg ha<sup>-1</sup>. Brito *et al.* (2004) também avaliaram genótipos de mamoneira plantados em baixa altitude e obtiveram produtividades variando de 654 a 1.210 kg.ha<sup>-1</sup>, com média de 896,3 kg.ha<sup>-1</sup>. Santos

(2013) avaliando 219 genótipos de mamoneira obteve uma amplitude de variação entre 311,67 kg ha<sup>-1</sup> a 1.593,70 kg ha<sup>-1</sup>

Tabela 3 – Médias dos caracteres morfoagronômicos obtidas dos 75 genótipos de mamoneira da população F2, pelo teste de Scott-Knott. UFRB/CCAAB/NBIO, Cruz das Almas, Bahia, 2018-2019.

(Continua)

<b>FLORECIMENTO (FLO)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (97,29 - 78,11 dias)	162 167 168 170 171 178 179 180 181 183 184 187 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 611 612 613 615 616 621 622 623 702 704 708
b (77,16 - 50,44 dias)	161 164 172 173 174 175 177 182 185 186 190 605 606 607 610 618 625 629 630 701 703 705 706 710 713 715 716 718 719 720 723 726
<b>INSERÇÃO DO RACEMO PRIMÁRIO (IRP)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (110,54 - 38,43)	161 162 164 167 168 170 171 172 173 174 175 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 708 710 713 715 716 718 719 720 723 726
<b>DIÂMETRO DO CAULE (DC)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (28,72 - 20,40 cm)	161 164 168 171 172 173 174 175 177 178 182 185 186 332 346 347 350 352 355 357 359 621 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 710 713 715 716 718 719 720 723 726
b (20,26 - 13,01 cm)	162 167 170 179 180 181 183 184 187 190 335 342 344 348 349 351 353 354 358 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 622 708

(continuação)

<b>NÚMERO DE INTERNÓDIOS DO CAULE (NIC)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (18,32 - 17,01)	178 602 604 612 621 625 701 702 703 704 706 708 713 715 716 719 720 723 726
b (16,39 - 15,01)	161 164 170 171 172 173 174 175 177 181 182 184 185 186 335 344 346 347 350 352 354 357 358 359 605 606 610 613 616 622 623 705 710 718
c (14,39 - 13,01)	162 167 168 179 180 183 187 190 601 607 611 615 618 629 630
d (12,78 - 11,28)	332 342 348 349 351 353 355
<b>ESTATURA DE PLANTA (EP)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (1,76 - 0,38 m)	161 162 164 167 168 170 171 172 173 174 175 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 708 710 713 715 716 718 719 720 723 726
<b>COMPRIMENTO TOTAL DO RACEMO (CT)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (36,67)	612 616
b (29,25 - 22,17)	161 170 177 180 183 335 629 704 705 708 715 719
c (21,61 - 17,72)	168 172 173 174 179 181 182 185 190 332 342 344 348 349 352 354 355 358 359 601 602 604 618 622 623 625 701 702 703 706 710 718
d (17,25 - 11,61)	162 164 167 171 175 178 184 186 187 346 347 350 351 353 357 605 606 607 610 611 613 615 621 630 713 716 720 723 726
<b>PESO DE FRUTO/RACEMO (PFR)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (166,16 - 135,86 g)	161 170 180 612 616 704
b (124,33 - 94,04 g)	335 352 613 630 702 703 705 706 708 710 715 719
c (89,55 - 24,41 g)	162 164 167 168 171 172 173 174 175 177 178 179 181 182 183 184 185 186 187 190 332 342 344 346 347 348 349 350 351 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 615 618 621 622 623 625 629 701 713 716 718 720 723 726

(continuação)

<b>NÚMERO DE FRUTOS /RACEMO (NFR)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (82,84 - 54,17)	161 180 182 335 346 602 604 618 629 702 704 708 715 719
b (52,51 - 42,41)	164 170 172 185 332 347 350 352 354 357 359 605 606 607 612 615 616 622 630 716
c (39,94 - 30,44)	173 174 179 181 183 184 186 187 190 344 358 613 623 703 705 706 710 713 718 723 726
d (28,57 - 13,51)	162 167 168 171 175 177 178 342 348 349 351 353 355 601 610 611 621 625 701 720
<b>NÚMERO DE SEMENTES/RACEMO(NSR)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (192,89 - 151,47)	161 346 622 702 704 708 715 719
b (140,47 - 109,77)	172 182 185 347 350 357 605 607 618 716
c (101,89 - 10,47)	162 164 167 168 170 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 186 187 190 332 335 342 344 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 606 610 611 612 613 615 616 621 623 625 629 630 701 703 705 706 710 713 718 720 723 726
<b>PESO DE SEMENTE/RACEMO (PSR)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (97,91 - 78,56 g)	161 170 180 612 616 708
b (70,64 - 52,46 g)	346 355 613 625 701 702 703 706 710
c (49,86 - 32,16 g)	164 168 172 173 178 182 183 185 186 190 332 335 342 344 347 349 350 352 354 357 358 359 605 606 607 610 615 618 622 623 629 704 715 716 718 719 723
d (30,26 - 9,80 g)	162 167 171 174 175 177 179 181 184 187 348 351 353 601 602 604 611 621 630 705 713 720 726
<b>NÚMERO DE SEMENTES/PLANTA (NSP)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (633,24 - 480,87)	161 346 702 716
b (426,24 - 282,24)	172 182 185 344 347 350 357 630 703 706 710 723
c (266,6 - 15,91)	162 164 167 168 170 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 186 187 190 332 335 342 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 701 704 705 708 713 715 718 719 720 726

(continuação)

<b>PESO DE SEMENTE/PLANTA (PSP)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (280,50 - 207,67 g)	161 346 702 703
b (176,71 - 118,11 g)	170 172 182 347 350 357 605 606 607 613 615 706 710 716
c (109,69 - 1,40 g)	162 164 167 168 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 610 611 612 616 618 621 622 623 625 629 630 701 704 705 708 713 715 718 719 720 723 726
<b>NÚMERO DE FRUTOS POR PLANTA (NFP)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (246,17 - 177,62)	161 346 702 716
b (160,17 - 96,97)	172 173 174 182 185 186 332 344 347 350 357 359 602 604 605 606 607 615 618 622 629 703 706 710 723
c (91,17 - 5,37)	162 164 167 168 170 171 175 177 178 179 180 181 183 184 187 190 335 342 348 349 351 352 353 354 355 358 601 610 611 612 613 616 621 623 625 630 701 704 705 708 713 715 718 719 720 726
<b>PRODUTIVIDADE (PRO)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (2234,63 - 1372,01)	161 170 346 702 703 706 710 716
b (1159,98 - 908,56)	164 172 182 186 347 350 357 605 606 607 613 615 618 630
c (876,23 - 69,43)	162 167 168 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 185 187 190 332 335 342 344 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 610 611 612 616 621 622 623 625 629 701 704 705 708 713 715 718 719 720 723 726
<b>PESO DE CEM SEMENTES (P100)</b>	<b>GENÓTIPOS (UFRB)</b>
a (88,26 - 48,45 g)	161 162 168 170 177 178 180 355 610 612 613 616 703 704 705 706 710
b (44,68 - 27,62 g)	164 167 171 172 173 174 175 179 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 357 358 359 601 602 604 605 606 607 611 615 618 621 622 623 625 629 630 701 702 708 713 715 716 718 719 720 723 726

(conclusão)

TEOR DE ÓLEO NA SEMENTE (TOS)	GENÓTIPOS (UFRB)										
	161	162	164	167	168	170	171	172	173	174	
	175	177	178	179	180	181	182	183	184	185	
	186	187	190	332	335	342	344	346	347	348	
a	349	350	351	352	353	354	355	357	358	359	
(59,14 - 39,34 %)	601	602	604	605	606	607	610	611	612	613	
	615	616	618	621	622	623	625	629	630	701	
	702	703	704	705	706	708	710	713	715	716	
	718	719	720	723	726						

Fonte: Autoria Própria, 2020.

Notas: FLO: número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário; IRP: Inserção do racemo primário; DC: Diâmetro do caule; NIC: Numero de internódios do caule; EST: Estatura de planta; PFR: Peso do fruto por racemo; CR: Comprimento total do racemo; PFR: Peso de frutos por racemo; NFR: Números de frutos por racemo; NSR: Número de sementes por racemo; PSR: Peso de sementes por racemo; NSP: Número de sementes por planta; PSP: Peso de sementes por planta; NFP: Número de frutos por planta; PRO: Produtividade; P100: Peso de cem sementes; TOS: Porcentagem teor de óleo na semente. Médias com letras iguais pertencem ao mesmo agrupamento, pelo teste de Scott e Knott, a 5% de probabilidade.

Com relação ao caráter peso de 100 sementes, a maior média observada foi 88,26g (genótipo 616).

Para o caráter TOS os genótipos foram reunidos em um único grupo, obtendo média de 46,14%, variando 39,81 a 58,90%. Resultados divergentes foram observados por Santos (2011), que obteve a formação de 11 grupos, com variação de 39,10% a 57,48% e média de 52,14%, onde a maioria dos genótipos obteve média acima de 50%.

O genótipo 616 (59,14%) apresentou-se como mais promissor por apresentar maior média para o TOS. Resultado estes superiores aos encontrados por Shah *et al.* (2015) e Patel *et al.* (2018) estudarem genótipos de mamona quando observaram variações no teor de óleo de 46,6 a 51,3% e 46,75 a 51,71%, respectivamente.

De acordo a Vieira e Lima (1997), o teor de óleo na semente de mamona pode variar de 35 a 55%. Desta forma, os resultados encontrados apresentam-se promissores, uma vez que a maioria das cultivares plantadas e comercializadas no Brasil possui um teor de óleo que oscila entre 45 e 50% (FREIRE *et al.*, 2006).

De acordo a Nogueira *et al.* (2012), em estudos de correlação devem ser observadas a magnitude, a direção e a significância. A correlação indica o grau de associação entre duas variáveis, podendo esta ser positiva ou negativa. Quando se

obtem coeficiente positivo significa que ocorreu aumento nas duas variáveis, ou seja, uma variável aumenta, a outra também aumenta e negativo quando ocorre o acréscimo de uma variável e decréscimo da outra. Desta forma, possibilita a seleção indireta com base em um descritor de fácil aferição e de alta herdabilidade que tenha correlação com o descritor desejado e/ou ser útil na seleção simultânea de descritores de interesse, proporcionando assim maiores progressos genético, com economia de tempo, recursos financeiros e mão de obra (FERRÃO, 2002; SILVA *et al.* 2017).

Os valores das correlações fenotípicas entre as 16 variáveis analisadas encontram-se na Tabela 4, as quais apresentaram valores entre -0,54 e 0,91.

Os maiores valores de correlação significativa positiva ( $r_p=0,91$ ) foram observadas entre produtividade x peso de sementes por planta. Por outro lado, as menores correlações significativas positivas observada foram entre DC x NSR; NIC x EP; PFR x NFP; PSR x P100 que apresentaram o valor da correlação de ( $r_p = 0,23$ ).

A maior correlação negativa significativa ( $r_p = -0,54$ ) foi observada entre as variáveis florescimento e diâmetro do caule, além disso, a variável florescimento (FLO) apresentou correlações negativas e significativas pelo teste t ( $p<0,01$ ), com as variáveis IRP, PSR, NSP, PSP, NFP e PROD e significativas ( $p<0,05$ ) com a variável NIC.

De acordo a Cruz e Carneiro (2003) e SANTOS *et al.* (2019), quando um descritor correlaciona-se positivamente com alguns e negativamente com outros, é necessário que se tenha um cuidado adicional, pois a seleção de um determinado caráter pode provocar mudanças indesejáveis em outros. No entanto, a correlação negativa entre FLO e PRO ( $r_p = -0,41$ ), indica a possibilidade de obtenção de genótipos produtivos e mais precoces na seleção, uma vez que que a redução dos dias para florescimento possibilita incremento da produtividade (OLIVEIRA, 2011).

A estatura da planta correlacionou-se positivamente com todas as variáveis, porém os valores não foram de grande proporção ( $p<0,50$ ), embora as estimativas obtidas tenham sido significativamente diferentes de zero a 1% de probabilidade.

Para a produtividade (PRO), verificou-se que com exceção de comprimento do racemo total (CR) e teor de óleo (TOS), apresentou-se altamente correlacionada com os demais descritores DC, IRP, NSR, PFR, PRP, NFP, PFP, NSP e PSP.

Resultado semelhante também foram encontrados por SILVA *et al.* (2017) que verificaram alta correlação positiva significativa entre produtividade e peso de fruto por racemo (0,85), número de frutos por racemo (0,73) e estatura da planta (0,51).

Sendo assim, a seleção indireta dessas variáveis poderá proporcionar ganhos em produção para a cultura. Isto ocorre provavelmente, devido à ocorrência de pleiotropismo ou desequilíbrio de ligação genética entre pares de caracteres que favorecem a seleção simultânea de dois ou mais caracteres por seleção em apenas um destes (FALCONER, 1987; GOLDENBERG, 1968).

No presente trabalho, o caráter TOS não apresentou correlação significativa com nenhuma das variáveis estudadas. Resultados semelhantes foram encontrados por Cavalcante *et al.* (2008) Milani *et al.* (2008), Goodarzi *et al.* (2015).

Entretanto, resultados divergentes aos constatados na cultura da mamona, foram verificados por teor de óleo x 50% de dias para germinação e floração, teor de óleo x peso de cem sementes, teor de óleo x altura da planta (ADEYANJU *et al.*, 2010), o teor de óleo x altura da planta (ANJANI, 2010), altura de planta x teor de óleo, diâmetro do caule x teor de óleo (TORRES, FE *et al.* 2015), teor de óleo x peso de cem sementes (NAGARAJAN *et al.* 2019). Teor de óleo x comprimento, largura e peso de cem grãos. (CUI *et al.* 2019).

Tabela 4 – Correlações fenotípicas entre 16 variáveis avaliadas em uma família F2 de mamoneira no Recôncavo da Bahia (UFRB, Cruz das Almas – BA, 2018).

VARIÁVEIS	IRP	DC	NIC	EP	PFR	CT	NFR	NSR	PSR	NSP	PSP	NFP	PROD	P100	TOS
FLO	-0,44**	-0,54**	-0,25*	-0,12 <sup>ns</sup>	-0,16 <sup>ns</sup>	-0,05 <sup>ns</sup>	-0,17 <sup>ns</sup>	-0,22 <sup>ns</sup>	-0,36**	-0,42**	-0,37**	-0,37**	-0,41**	0,08 <sup>ns</sup>	0,11 <sup>ns</sup>
IRP		0,65**	0,43**	0,48**	0,35**	0,16 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,26*	0,59**	0,40**	0,36**	0,51**	0,11 <sup>ns</sup>	-0,07 <sup>ns</sup>
DC			0,50**	0,21 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>	0,23*	0,23 <sup>ns</sup>	0,51**	0,33**	0,32**	0,37**	-0,07 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>
NIC				0,23*	0,14 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>	0,27*	0,26*	0,23 <sup>ns</sup>	0,40**	0,31**	0,31**	0,28*	0,00 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>
EP					0,28*	0,12 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	0,44**	0,32**	0,49**	0,30**	0,49**	0,19 <sup>ns</sup>	-0,21 <sup>ns</sup>
PFR						0,61**	0,67**	0,41**	0,62**	0,38**	0,38**	0,23*	0,52**	0,34**	0,07 <sup>ns</sup>
CT							0,41**	0,16 <sup>ns</sup>	0,46**	0,09 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	-0,12 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,27*	0,13 <sup>ns</sup>
NFR								0,62**	0,48**	0,51**	0,45**	0,62**	0,52**	-0,14 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>
NSR									0,56**	0,51**	0,59**	0,63**	0,58**	-0,16 <sup>ns</sup>	0,22 <sup>ns</sup>
PSR										0,42**	0,68**	0,37**	0,60**	0,23*	0,01 <sup>ns</sup>
NSP											0,73**	0,74**	0,75**	-0,06 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>
PSP												0,81**	0,91**	0,12 <sup>ns</sup>	-0,02 <sup>ns</sup>
NFP													0,85**	-0,23 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>
PROD														0,11 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>
P100															0,09 <sup>ns</sup>

Fonte: Autoria Própria, 2020

\* Significativo ao nível de 5%

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste t de Student

NS Não significativ

A análise de componentes principais (ACP) é uma técnica estatística multivariada que está associada a ideia de redução da quantidade de dados, com menor perda possível de informações. Esta técnica consiste em transformar um conjunto original de variáveis, inicialmente correlacionadas entre si, num conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas que contém a maior parte da informação do conjunto original, chamadas de componentes principais. (VASCONCELOS et al., 2007; HONGYU et al. 2016). Desta forma, cada componente principal consiste na combinação linear de todas as variáveis originais, independentes entre si, e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo de informação, em termos da variação total contida nos dados (HONGYU et al. 2016).

Ao se analisar as estimativas dos autovalores associados com os componentes principais e suas respectivas variações relativas e acumuladas, obtidas a partir dos 16 caracteres morfoagronômicos, percebe-se que os dois primeiros componentes principais (CP1) e (CP2) conseguiram explicar 55,59% da variação total.

De acordo ao critério de Kaiser (1960) selecionaram-se os quatro primeiros componentes principais, uma vez que obtiveram autovalores superiores a 1,0. Estes explicaram 73,35% da variação total (Tabela 5).

Cruz et al. (2011) relatam que o ideal é que os primeiros componentes concentrem a porcentagem relativamente alta da variação total, em geral, referida como acima de 80%, para que haja divergência entre grupos de genótipos avaliados.

No entanto, de acordo a Pereira *et al.* (1992) a distribuição da variância está associada a natureza e ao número de descritores avaliados, e sua concentração nos primeiros componentes principal só é possível quando poucos traços são avaliados ou quando pertencem a partes específicas da planta.

Em estudos similares, Rodrigues *et al.*, (2002), revelaram que os quatro primeiros componentes principais explicaram 69,88% da variação total avaliando a divergência em cultivares de feijão. Tobar-Tosse *et al.* (2015) obtiveram a explicação de 59% da variação total nos dois primeiros componentes, avaliando genótipos de soja-hortaliça. Já FIGUEIREDO *et al.*, (2004) avaliando a divergência genética em acessos de mamona, obteve a variância acumulada nos dois primeiros componentes principais de 96,54%.

Na Tabela 5, também estão relacionados a importância das variáveis em cada componente, considerando-se como características que mais contribuíram aquelas com valores maiores ou próximos a 0.500. Sendo assim, sabe-se que o maior valor

das variáveis, em módulo, representa maior contribuição da característica atuando naquele componente principal (VILLELA, 2013).

Os descritores com os maiores pesos no componente principal 1 (CP1) foram: PRO (-0,361), PSP (-0,349), NSP (-0,322) e NFP (-0,318), que explicou 39,49% da variância total, indicando que este representa os componentes de produtividade. O componente 2 (CP2) foi associado aos seguintes descritores: CT (-0,473), PFR (0,412), P100 (-0,385) e PSR (-0,314), responsável por 16,10% da variação (figura 01).

No componente 3 (CP3), que explicou 10,4% da variação total, os descritores com os maiores pesos foram: P100 (0,382), NSR (-0,376), IRP (0,354), NFR (-0,346) e EP (0,311), no componente 4 as variáveis que apresentaram maiores pesos foram: NIC (-0,443), PSP (0,344), P!00 (0,333) e DC (-0,324).

A representação gráfica dos dois primeiros componentes principais das dezesseis variáveis avaliadas está apresentada na Figura 1, onde pode ser observado a distribuição dos genótipos nos componentes 1 e 2 e a contribuição das variáveis através do gradiente de cores, bem como a relação dos genótipos com as variáveis, sendo que a direção ou os quadrantes nos quais as setas das variáveis se encontram, estão de acordo com o sinal da carga da variável representado na tabela 5.

**Tabela 5.** Estimativas dos valores associados aos componentes principais e suas variâncias total e acumulada, e importância relativa dos dezesseis caracteres morfoagronômicos avaliados em 75 genótipos da família F2, Cruz das Almas, 2018.

Variáveis	Componentes Principais															
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
<b>FLO</b>	0,190	-0,217	-0,237	0,169	-0,202	0,625	0,315	-0,311	-0,387	0,064	-0,108	0,048	-0,186	0,039	0,025	-0,011
<b>IRP</b>	-0,268	0,155	0,354	-0,150	0,036	0,104	-0,143	-0,313	0,039	0,602	-0,247	-0,337	-0,285	-0,050	-0,048	-0,046
<b>DC</b>	-0,213	0,253	0,296	-0,324	-0,270	-0,005	-0,255	-0,047	-0,549	-0,298	-0,018	0,320	-0,080	0,238	-0,035	-0,034
<b>NIC</b>	-0,196	0,104	0,234	-0,443	-0,160	0,131	0,736	0,133	0,248	-0,108	0,011	0,042	0,041	-0,141	0,029	0,023
<b>EP</b>	-0,195	0,067	0,311	0,278	0,125	0,652	-0,238	0,389	0,205	0,036	0,056	0,223	0,196	0,015	0,000	0,007
<b>PFR</b>	-0,251	-0,412	0,035	-0,082	0,200	-0,083	-0,014	-0,283	-0,068	0,050	-0,233	0,355	0,411	-0,302	0,006	-0,431
<b>CT</b>	-0,155	-0,473	0,119	-0,252	0,135	0,153	-0,175	-0,078	-0,066	-0,206	0,620	-0,303	-0,192	-0,182	0,054	0,037
<b>NFR</b>	-0,284	-0,124	-0,346	-0,267	0,269	0,100	-0,036	-0,220	0,279	0,018	-0,037	0,244	-0,039	0,501	-0,263	0,346
<b>NSR</b>	-0,240	-0,059	-0,376	-0,204	0,083	-0,037	0,065	0,579	-0,432	0,459	0,062	-0,036	0,059	-0,027	0,039	0,002
<b>PSR</b>	-0,283	-0,314	0,083	0,149	0,135	-0,042	0,060	0,241	-0,066	-0,391	-0,560	-0,354	-0,178	0,205	0,200	0,018
<b>NSP</b>	-0,322	0,201	-0,142	0,123	-0,217	0,074	0,017	-0,244	-0,094	-0,076	0,122	-0,467	0,656	0,134	0,052	0,095
<b>PSP</b>	-0,349	0,076	-0,085	0,344	-0,079	-0,084	0,118	0,045	-0,060	-0,146	0,066	-0,032	-0,215	-0,247	-0,754	-0,107
<b>NFP</b>	-0,318	0,236	-0,287	0,139	-0,035	0,003	0,038	-0,066	0,202	-0,039	0,234	0,077	-0,305	0,202	0,385	-0,591
<b>PROD</b>	-0,361	0,058	-0,051	0,276	-0,057	-0,141	0,019	-0,149	-0,043	0,023	0,023	0,289	-0,152	-0,391	0,401	0,565
<b>P100</b>	-0,066	-0,385	0,382	0,333	-0,241	-0,281	0,240	0,023	-0,034	0,302	0,256	0,135	0,041	0,466	-0,010	0,020
<b>TOS</b>	-0,058	-0,293	-0,197	-0,159	-0,757	0,037	-0,322	0,133	0,330	0,051	-0,163	0,014	-0,030	-0,107	-0,026	-0,009
<b>Autovalores</b>	6,32	2,58	1,63	1,21	0,95	0,79	0,60	0,55	0,39	0,37	0,20	0,16	0,14	0,08	0,03	0,02
<b>Variância Total (%)</b>	39,49	16,10	10,17	7,58	5,91	4,91	3,74	3,44	2,42	2,33	1,22	1,00	0,89	0,48	0,21	0,12
<b>Variância acumulada (%)</b>	39,49	55,59	65,76	73,35	79,26	84,17	87,90	91,34	93,76	96,08	97,31	98,30	99,19	99,67	99,88	100,00

Notas: FLO: número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário; IRP: Inserção do racemo primário; DC: Diâmetro do caule; NIC: Número de internódios do caule; EST: Estatura de planta; PFR: Peso do fruto por racemo; CR: Comprimento total do racemo; PFR: Peso de frutos por racemo; NFR: Número de frutos por racemo; NSR: Número de sementes por racemo; PSR: Peso de sementes por racemo; NSP: Número de sementes por planta; PSP: Peso de sementes por planta; NFP: Número de frutos por planta; PRO: Produtividade; P100: Peso de cem sementes; TOS: Porcentagem teor de óleo na semente. Médias com letras iguais pertencem ao mesmo agrupamento, pelo teste de Scott e Knott, a 5% de probabilidade.



## **CONCLUSÕES**

Constata-se variabilidade genética para os descritores morfoagronômicos avaliados na família gênica F2, importante para fornecer subsídio para o programa de melhoramento da espécie, bem como indica a possibilidade de seleção de plantas superiores.

A correlação negativa entre os descritores de florescimento e produtividade são importantes para indicação de seleção indireta para produtividade, quando seleciona genótipos com florescimento precoce.

Os caracteres PRO, NFP, NSP, PSP, PFR, PSR, CT NFR e P100 foram os que mais contribuíram para a variabilidade observada no presente estudo.

A seleção, para a maioria dos caracteres avaliados, deve ser aplicada em gerações avançadas, pelo fato de que o ambiente exerce forte influência sobre a variância fenotípica e genética.

Métodos de melhoramento mais rigorosos, como genealógico e 'single seed descent' (SSD), devem ser adotados para a condução da população segregante para maior obtenção de ganho genético.

## **AGRADECIMENTOS**

À Petrobrás Biocombustível e a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP), à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio técnico e financeiro.

## REFERENCIAS

ADEYANJU, A. O.; USMAN, A.; MOHAMMED, S. G. Genetic correlation and path-coefficient analysis of oil yield and its components in castor. Liby. **International Journal os Applied Agricultural Research**, Delhi, v. 5, p. 243-250, 2010. Disponível em:

[https://www.researchgate.net/publication/312454605\\_Genetic\\_correlation\\_and\\_path-coefficient\\_analysis\\_of\\_oil\\_yield\\_and\\_its\\_components\\_in\\_castor\\_Liby](https://www.researchgate.net/publication/312454605_Genetic_correlation_and_path-coefficient_analysis_of_oil_yield_and_its_components_in_castor_Liby) Acesso em: 02 de mai. 2020.

ALVES, Gibran da Silva et al. Densidade populacional e seu efeito na produtividade da mamoneira BRS Energia sob cultivo irrigado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 3, p. 546-554, 2015. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1806-66902015000300546&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1806-66902015000300546&script=sci_arttext) Acesso em: 20 abr. 2020.

ANJANI, K. Extra-early maturing germplasm for utilization in castor improvement. **Industrial Crops and Products**, v. 31, n. 1, p. 139-144, 2010. Disponível em: [https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S092666900900185X?casa\\_token=qCSA0\\_zj4\\_YAAAAA:T-T\\_H7L4OYp2UtJn1P3yQ2QILceUbRY5KBdQ5E9jRK5syV4FwIF8CoP2hRKW5PD2OhAkNQEZRp4O](https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S092666900900185X?casa_token=qCSA0_zj4_YAAAAA:T-T_H7L4OYp2UtJn1P3yQ2QILceUbRY5KBdQ5E9jRK5syV4FwIF8CoP2hRKW5PD2OhAkNQEZRp4O) Acesso em: 13 mar. 2020.

ARNHOLD, Emmanuel; ARNHOLD, Mantenedor Emmanuel. Pacote 'easynova'. 2019.

AZEVEDO, D. M. P. de et. al. Recomendações técnicas para o cultivo da mamona (*Ricinus communis* L.) no Brasil. Campina Grande, PB, **Embrapa Algodão. Circular Técnica** n. 25. 1997. 52 p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/270023> Acesso em: 17 mar. 2018.

BAHIA, Henrique Fortes et al. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 3, p. 357-362, 2008. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci_arttext) Acesso em: 02 ago. 2020.

BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; & COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias = Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20153092115> Acesso em: 03 mar. 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de mamona (*Ricinus communis* L.). Brasília – DF, 2008, 10p. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protacao-de-cultivar/arquivos-agricolas/mamona-formulario-01-08-2008-p.doc>

BRASILEIRO, H. S. **Seleção de linhagens elites de mamoneira por meio de marcadores microssatélites e caracteres teor de óleo e peso de sementes por planta.** Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 76f, 2014. Disponível em: [https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205\\_2014-CJGPB](https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205_2014-CJGPB)

BRASILEIRO, H. S. **Análise genética molecular de linhagens de mamoneira para obtenção de híbridos via cruzamentos dialélicos.** Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 70f, 2019.

BRITO, F. B.; BELTRÃO, N. E. M.; RIBEIRO, V. Q.; LUCAS, E. P. **Competição de genótipos de mamoneira em baixas altitudes: resultados preliminares.** In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA, 1., 2004, Campina Grande. Anais... Campina Grande: Embrapa Algodão, 2004.

CAVALCANTE, Marcelo et al. Divergência genética entre acessos de mamona em dez municípios de Alagoas. Revista **Caatinga**, v. 21, n. 3, 2008. Disponível em: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=237117546019> Acesso em: 05 mai. 2020.

COUTO, Mauricio Farias; PETERNELLI, Luiz Alexandre; BARBOSA, Márcio Henrique Pereira. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. **Ciência rural**, v. 43, n. 6, p. 957-961, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782013000600003> Acesso em: 18 out. 2020.

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

CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. **Visconde do Rio Branco: Suprema**, v. 620, 2011.

CUI, ChangSheng et al. Correlation analysis of oil content, fatty acid content and seed phenotypic traits of *Ricinus communis* L. seed. **Southwest China Journal of Agricultural Sciences**, v. 32, n. 1, p. 55-62, 2019. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20193290539> Acesso em: 06 abr. 2020.

DE MENDIBURU, Felipe; DE MENDIBURU, Mantenedor Felipe. Pacote 'agricolae'. **Pacote R, versão**, p. 1.2-1, 2019.

DHEDHI, K. K. et al. Correlation and path co-efficient analysis in castor (*Ricinus communis* L.) over environments. **Agricultural Science Digest**, v. 30, n. 4, p. 286-289, 2010. Disponível em: <http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:asd&volume=30&issue=4&article=013> Acesso em: 06 abr. 2020.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Levantamento detalhado dos solos do Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura Tropical. Cruz das Almas: Embrapa, 1993. 126p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279p.

FAOSTAT (Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division). Disponível em <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> Acesso em: 13 jan. 2020.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaii Plant. Records**, 1956, v. 55, p. 191-208, Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2529707> Acesso em: 17 nov. de 2018. Acesso em: 17 nov. 2019.

FERRÃO, M. A. G.; Vieira, C.; CRUZ; C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 8, p. 1089-1098, 2002. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/6442> Acesso em: 23 mar. 2019.

FERREIRA, Jeferson Pereira et al. Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. **Revista Ceres**, v. 63, n. 2, p. 138-144, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0034-737X201663020004> Acesso em: 18 out. de 2020.

FERREIRA, Renan Silva; MELO, André Souza. ANÁLISE DAS FONTES DE CRESCIMENTO DO VALOR BRUTO DA PRODUÇÃO DA MAMONA NO PERÍODO DE 1990 A 2016. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, n. 2, p. 487-513, 2019. Disponível em: <https://periodicos.unicesumar.edu.br/index.php/rama/article/view/5951> Acesso em: 10 jan. 2020.

FIGUEIREDO, Acácio Neto et al. Divergência genética em acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) baseada nas características das sementes. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, v. 4, n. 2, 2004. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/500/50040201.pdf> Acesso em: 26 jan. 2021.

FREIRE, E C.: Melhoramento genético. IN: Azevedo, D.M.P., BELTRAO, N.E.M. (Ed) **O agronegócio da mamona no brasil**. Brasília: Embrapa Algodão; Embrapa Informação Tecnológica, 2007. P.169-194.

FREIRE, R. M. M.; SEVERINO, L. S.; MACHADO, O. L. T. Ricinoquímica e co-produtos. In: AZEVEDO, D. M. P.; BELTRÃO, N. E. M.. **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. Cap. 13

GOLDENBERG, J. B. El empleo de la correlación en el mejoramento genético de las plantas. **Fitotecnia Latinoamericana**, v. 5, n. 2, p. 1-8, 1968.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: ESALQ, 2009. 451 p.

GONÇALVES, N.P.; KAKIDA, J.; LELES. W.D. **Cultivares de mamona**. Inf- R v.7, n. 82, p. 31-33, out. 1981.

GOODARZI, Farnaz et al. Genetic variability and traits association in castor bean (*Ricinus communis* L.). **Genetika**, v. 47, n. 1, p. 265-274, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.2298/GENSR1501265G> Acesso em: 23 mar. 2020.

HONGYU, Kuang; SANDANIELO, Vera Lúcia Martins; DE OLIVEIRA JUNIOR, Gilmar Jorge. Análise de componentes principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. **E&S Engineering and Science**, v. 5, n. 1, p. 83-90, 2016. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/305713088\\_ANALISE\\_DE\\_COMPONENTES\\_PRINCIPAIS\\_RESUMO\\_TEORICO\\_APLICACAO\\_E\\_INTERPRETACAO](https://www.researchgate.net/publication/305713088_ANALISE_DE_COMPONENTES_PRINCIPAIS_RESUMO_TEORICO_APLICACAO_E_INTERPRETACAO) Acesso em: 20 jan. 2021.

IBGE. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola (IBGE 2018). Available from: [ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\\_Agricola/Levantamento\\_Sistemático\\_da\\_Producao\\_Agricola\\_\[monthly\]/Fasciculo/lspa\\_201508.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Levantamento_Sistemático_da_Producao_Agricola_[monthly]/Fasciculo/lspa_201508.pdf). Acesso em: 13 jan. 2020.

KAISER, Henry F. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and psychological measurement**, v. 20, n. 1, p. 141-151, 1960. Disponível em: <https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1177/001316446002000116?journalCode=e-pma> Acesso em: 25 jan. 2021.

KOURI, J; SANTOS, R.F.; SANTOS, J.W. Evolução da cultura da mamona no Brasil. In: **Congresso Brasileiro de Mamona**, 1., 2004, Campina Grande. Energia e sustentabilidade - Anais... Campina Grande: Embrapa Algodão, 2004. s.p.

LÊ, Sébastien et al. FactoMineR: um pacote R para análise multivariada. **Journal of Statistical Software**, v. 25, n. 1, pág. 1-18, 2008.

MILANI, M.; ANDRADE, F. P. de; FREIRE, R. M. M.; SILVA, G. A. da; MOTA, J. R.; ANDRADE, C. C. de. Genótipos de porte médio de mamona avaliados em Irecê (BA) para teor de óleo e produtividade. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA**, 3., 2008, Salvador. Energia e ricinoquímica: resumos. Salvador: SEAGRI: Embrapa Algodão, 2008. p. 75 <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/277927/genotipos-de-porte-medio-de-mamona-avaliados-em-irece-ba-para-teor-de-oleo-e-produtividade> Acesso em: 13 mai. 2020.

MITTELMANN, A.; CARVALHO, F. I. F. de; BARBOSA, J. N. F.; LEITE, A. A. de; PANDINI, F. Herdabilidade para os caracteres ciclo vegetativo e estatura em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n.6, p.999-1002, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782001000600013> Acesso em: 03 mai. 2020.

MOVALIYA, H. M. et al. 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. Disponível em: <http://www.phytojournal.com/archives/2018/vol7issue2/PartU/6-5-223-192.pdf> Acesso em: 05 abr. 2020.

MUBOFU, Egid B. Castor oil as a potential renewable resource for the production of functional materials. **Sustainable Chemical Processes**, v. 4, n. 1, p. 1-12, 2016. Disponível em:

<https://sustainablechemicalprocesses.springeropen.com/articles/10.1186/s40508-016-0055-8> Acesso em: 24 nov. 2018.

NAGARAJAN, S., VISWANATHAN, P.L., VENKATACHALAM, S.R., MANICKAM, S. GANAPATHI, N. Correlation and Path Coefficient Analysis in Castor (*Ricinus communis* L.), **Int. J. Pure App. Biosci.** 7(3): 230-233 2019. Disponível em: <http://www.ijpab.com/form/2019%20Volume%207,%20issue%203/IJPAB-2019-7-3-230-233.pdf> Doi: <http://dx.doi.org/10.18782/2320-7051.7488> Acesso em: 03 abr. 2020.

NOGUEIRA, A. P; SEDIYAMA, Y.; SOUZA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C, D.; FERREIRA, D. G. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012. Disponível em: <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576> Acesso em: 02 abr. 2020.

OLIVEIRA, R. S. de. **Avaliação de população segregante (F3) de mamoneira em condições do Recôncavo Baiano**. 2011. 40 f. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2011.

OLIVEIRA, R. S., SILVAI, S. A., BRASILEIRO, B. P., MEDEIROS, E. P., ANJOS, E. V. A.: Genetic divergence on castor bean using the ward-mlm strategy. **Revista Ciências. Agrônômica**. vol. 44 no.3 Fortaleza July/Sept. 2013. Acesso em: 02 ago. 2020.

PASSOS, A. R. **Estudo genético e agrônômico da mamoneira em baixas altitudes do Recôncavo Baiano**. 2009. 109f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, UFRB, Cruz das Almas, 2009. Acesso em: 02 ago. 2020.

PATEL, J.K.; PATEL, P.C. Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and yield components in castor (*Ricinus communis* L.). **Genotypes International Journal of Plant Science**, v. 9, n. 2, p. 385–388, 2014. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20143382297> Acesso em: 03 abr. 2020.

PATEL, M. P. et al. Genetic variability, character association and genetic divergence studies in castor (*Ricinus communis* L.). **Annals of Agrarian Science**, v. 16, n. 2, p. 143-148, 2018. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1512188718300010> Acesso em: 03 abr. 2020.

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

PIVETTA, Laerte Gustavo et al. Avaliação de genótipos de mamona em diferentes níveis de adubação. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 2, n. 2, p. 9-18, 2015. Disponível em: <https://periodicosonline.uems.br/index.php/agrineo/article/view/256> Acesso em: 15 abr. 2020.

**R DEVELOPMENT CORE TEAM R.** A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2020. Disponível em: URL <https://www.R-project.org/>.

REGITANO NETO, A. et al. Correlação entre caracteres e análise de trilha em progênies de mamona (*Ricinus communis* L.) em condições de safrinha no estado de São Paulo. In: **Embrapa Meio Ambiente-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 5., 2009, Vitória. O melhoramento e os novos cenários da agricultura: anais. Vitória: Incaper, 2009. 1 CD-ROM., 2009. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/577821/correlacao-entre-caracteres-e-analise-de-trilha-em-progenies-de-mamona-ricinus-communis-l-em-condicoes-de-safrinha-no-estado-de-sao-paulo> Acesso em: 02 abr. 2020.

RODRIGUES, Lessandra Silva et al. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 9, p. 1285-1294, 2002. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2002000900011&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2002000900011&script=sci_arttext) Acesso em: 29 jan. 2020.

RODRIGUES, H. C. de A. et al. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de mamoneira. **Ciência e Agrotecnologia**. v. 34, n. 6, p. 1390–1395. 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1413-70542010000600005> Acesso em: 02 abr. 2020.

SANTOS, L. A. **Caracterização e seleção de linhagens elites de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio do desempenho morfoagronômico e molecular no Estado da Bahia**. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 85 f, 2013.

SANTOS, Laurenice Araujo dos et al. Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, v. 49, n. 1, 2019. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782019000100400&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782019000100400&script=sci_arttext) Acesso em: 02 set. 2020.

SEVERINO, Liv Soares et al. Avaliação da produtividade e teor de óleo de dez genótipos de mamoneira cultivados em altitude inferior a 300 metros. **Revista Ciência Agronômica**, v. 37, n. 2, p. 188-194, 2006. Disponível em: <http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/199> ). Acesso em: 10 nov. 2018.

SHAH, S. K. et al. Seed and oil quality characteristics of some castor (*Ricinus Communis* L.) inbred lines. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, v. 8, n. 1, p. 177-181, 2015. Disponível em: <http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:ijaeb&volume=8&issue=1&article=023> Acesso em: 10 de mar. 2020.

SHIMELIS, Hussein; SHIRINGANI, Rhandzu. Variance components and heritabilities of yield and agronomic traits among cowpea genotypes. **Euphytica**, v. 176, n. 3, p. 383-389, 2010. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-010-0222-z> Acesso em: 18 out. 2020.

SILVA, Adielle Rodrigues da et al. Correlations and track analysis for morphoagronomic descriptors in pedigree and parental lines of castor bean. **Ciência Rural**, v. 47, n. 4, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20160808>. Acesso em: 08 jan. 2019.

SILVA, S. A., CERQUEIRA, L. S., VILARINHOS, A. D., AMORIM, E. P., MOREIRA, R. F. C., COSTA, M. P. C.: Variabilidade genética em cultivares de mamona por meio de marcadores RAPD. **Magistra**, Cruz das Almas-BA, v. 24, n. 4, p. 341-347, out./dez. 2012. Disponível em: [http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb\\_Docs\\_Fonte/BR2013007966.pdf](http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb_Docs_Fonte/BR2013007966.pdf) Acesso em: 01 abr. 2020.

SILVA, V., LIMA, J. F., PEIXOTO, C. P., PEIXOTO, M. F. S. P., LEDO, C. A. da S. Desenvolvimento de cultivares de Ricinus comunis L. no Recôncavo Baiano. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 23, n. 1-2, p. 25-31, jan./jun., 2011. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/896457> Acesso em: 02 mai. 2018.

SILVA, V. **Características fisiológicas de cultivares de mamoneira (Ricinus communis L.) no Recôncavo baiano**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 73 f, 2008.

TOBAR-TOSSE, Dora Enith et al. Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. **Ciência Rural**, v. 45, n. 7, p. 1214-1219, 2015. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782015000701214&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782015000701214&script=sci_arttext) Acesso em: 29 jan.2021.

TORRES, Francisco Eduardo et al. Correlations and path analysis on oil content of castor genotypes. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 5, 2015. Disponível em: <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/2639> Acesso em: 03 mai. 2018.

VASCONCELOS, Edmar Soares de et al. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, 2007. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2007001000008&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2007001000008&script=sci_arttext) Acesso em: 25 jan. 2021.

VIEIRA, R. M.; LIMA, E. F.; BATISTA, F. A. S. Diagnóstico e perspectivas da mamoneira no Brasil. In: Reunião temática matérias-primas oleaginosas no Brasil, 1997, Campina Grande. Anais. Campina Grande: **EMBRAPA- CNPA/MAA/ABIOVE**, 1997. p.139-150. [www.gov.br › pt-br › mamona-formulario-01-08-2008-p](http://www.gov.br/pt-br/mamona-formulario-01-08-2008-p) Acesso em: 15 nov. 2018.

VILLELA, Otávia Tiago. Diversidade Fenotípica e molecular de cultivares brasileiras de soja portadoras de gene RR. 2013. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

ZUCHI, J., ZANUNCIO, J. C., BEVILAQUA, G. A. P., PESKE, S. T., SILVA, S. D. A. Caracterização agrônômica de cultivares de mamona em função do local de cultivo e da época de semeadura no Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 3, P. 501-506, Mar. 2010. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0103-84782010000300001](https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782010000300001) Acesso em: 06 mar. 2020.

## **CAPÍTULO II**

# **ANÁLISE CONJUNTA DE UMA POPULAÇÃO F2 DE *Ricinus communis* L. PARA CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES SSR**

# **ANÁLISE CONJUNTA DE UMA POPULAÇÃO F2 DE *Ricinus communis* L. PARA CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES SSR**

Autora: Ilneide Braz Santos de Jesus

Orientadora: Dra. Simone Alves Silva

**RESUMO:** O conhecimento da divergência genética disponível em um conjunto de genótipos e/ou populações, principalmente em gerações iniciais é de grande importância em programas de melhoramento, pois permitem verificar a presença da variabilidade genética, as melhores constituições genéticas, evitar recombinações gênicas semelhantes, bem como auxilia na tomada de decisões para a condução das próximas gerações. Sendo assim, objetivou-se avaliar a divergência genética em uma família F2, por meio da análise conjunta de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*). Foram analisados 16 caracteres morfoagronômicos conjuntamente com a genotipagem dessa população por meio de 17 combinações de iniciadores SSR. A dissimilaridade genética entre os genótipos foi calculada a partir do índice de dissimilaridade de Gower, utilizando-se o método de agrupamento UPGMA. As 17 combinações SSR possibilitaram a obtenção de 173 alelos, com média de 10,18 alelos por locos. O PIC variou de 0,656 a 0,891, com média de 0,830. A análise conjunta possibilitou a formação de dois grupos distintos, sendo que estes apresentam subgrupos, mostrando que existe divergência genética nos genótipos avaliados. De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, os genótipos mais similares geneticamente foram UFRB186 e UFRB185, (0,038) e os mais dissimilares foram UFRB 616 e UFRB336 (0,668). Portanto, a análise conjunta dos caracteres morfoagronômicos e marcadores SSR é eficiente para avaliar a divergência genética na população F2 de *Ricinus communis* L. do Programa de Melhoramento da UFRB/NBIO, demonstrando potencial dos genótipos para o programa de melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** Dissimilaridade de Gower, marcadores de DNA, análise conjunta.

# JOINT ANALYSIS OF A F2 POPULATION OF *Ricinus communis* L. FOR MORPHO-AGRONOMIC TRAITS AND SSR MARKERS

Author: Ilneide Braz Santos de Jesus

Adviser: Dra. Simone Alves Silva

**ABSTRACT:** The knowledge of the genetic divergence available in a set of genotypes and/or populations, especially in early generations, is of great importance in breeding programs, as they allow to verify the presence of genetic variability, the best genetic constitutions, to avoid similar genetic recombination, as well as assists in making decisions for the conduct of the next generations. Thus, the objective of this study was to evaluate the genetic divergence in an F2 family, through the joint analysis of morpho-agronomic traits and SSR (Simple Sequence Repeats) molecular markers. Seventeen morpho-agronomic traits were analyzed together with the genotyping of this population through 17 combinations of SSR initiators. The genetic dissimilarity between accessions was calculated from the Gower dissimilarity index, using the UPGMA clustering method. The 17 SSR combinations made it possible to obtain 173 alleles, with an average of 10.18 alleles per locus. The PIC ranged from 0.656 to 0.891, with an average of 0.830. The joint analysis enabled the formation of two distinct groups, which have subgroups, showing that there is genetic divergence in the evaluated genotypes. According to the values of the dissimilarity matrix, the most genetically similar genotypes were UFRB186 and UFRB185, (0.038) and the most dissimilar were UFRB 616 and UFRB336 (0.688). Therefore, the joint analysis of the morpho-agronomic traits and SSR markers is efficient to assess the genetic divergence in the F2 population of *Ricinus communis* L. of the UFRB / NBIO Breeding Program, demonstrating the potential of the genotypes for the species breeding program.

**Keywords:** Gower's dissimilarity,, DNA markers, joint analysis.

## 1 INTRODUÇÃO

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma espécie oleaginosa, rústica, heliófila, pertencente à família *Euphorbiaceae*. Esta espécie possui extensa dispersão geográfica, sendo cultivada atualmente em mais de 15 países (FAOSTAT, 2017) e provido de um amplo valor socioeconômico.

Seus produtos e subprodutos são largamente utilizados, tanto nas indústrias como na agricultura. Além disso, apresenta-se como perspectivas de uso como fonte energética sob a forma de biodiesel (COSTA et al., 2006; RODRIGUES et al., 2014).

Dos produtos fornecidos, o óleo obtido das suas sementes é o grande destaque, uma vez que possui em sua composição o ácido ricinoleico, o qual corresponde a cerca de 80-90% de seus ácidos graxos totais (JEONG e PARK, 2009), conferindo a este propriedades incomuns em relação a outros óleos vegetais, como: único glicerídeo natural que possui solubilidade em álcool e é o mais denso e mais viscoso de todos os óleos vegetais e animais, fazendo com que este apresente excelente desempenho em condições extremas de temperatura e pressão (ARAÚJO et al., 2008; SIMÕES et al., 2017; SIMÕES et al., 2020).

No Brasil, é encontrada espontaneamente em todo território nacional, desde o Amazonas até o Rio Grande do Sul, embora seja mais típica em regiões semiáridas, tendo como destaque a região Nordeste em razão das condições favoráveis ao seu desenvolvimento (PARENTE, 2003; COSTA et al., 2006). O estado da Bahia detém atualmente 87,39% da produção, cujo a maioria do seu cultivo advém, principalmente de pequenos agricultores familiares, que utilizam variedades locais pouco estáveis ou mesmo uma mistura de cultivares.

A mamoneira é uma planta que apresenta ampla variabilidade genética, que pode ser facilmente observada através de suas características botânicas e agronômicas (BAHIA et al., 2008, OLIVEIRA et al., 2013, SILVA et al., 2017;) aspecto este, fundamental para o melhoramento genético. O conhecimento da natureza e da variabilidade das plantas são essenciais para o sucesso dos programas de melhoramento da cultura, uma vez que esta fornece a base para o desenvolvimento de genótipos desejáveis (GÁLOVA et al., 2015).

Neste sentido, a utilização de técnicas precisas que caracterizem e identifique as melhores constituições genéticas para seleção dos divergentes e com bom

desempenho morfoagronômico é essencial, como por exemplo os estudos da diversidade genética.

A determinação da diversidade genética é realizada por meio da variação existente entre indivíduos ou grupos de indivíduos, acessos, entre populações, dentro de populações e entre e dentro de populações (CRUZ, 2008), podendo ser analisada por um método específico ou por uma combinação de métodos (MOURA *et al.*, 2010).

De acordo a Milach *et al.* 1999, estes estudos podem ser feitos através de características fenotípicas com marcadores morfológicos e/ou com marcadores genéticos. Os marcadores morfológicos atualmente são bastantes utilizados. No entanto, estes podem apresentar baixa eficiência no diagnóstico da variabilidade disponível, uma vez que essas características, principalmente as quantitativas (controladas por vários genes), a exemplo da produtividade, sofrem bastante influência ambiental e epistática. Por outro lado, os marcadores moleculares são bastantes precisos, pois permitem diferenciar e identificar os indivíduos a partir das variações nos genes e/ou nas sequencias não codificadoras do DNA, além disto, não sofrem influência ambiental, nem do estágio de desenvolvimento da planta (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 2008).

Marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*) têm sido bastante utilizados em estudos de genética e melhoramento de plantas. Estes marcadores são compostos de sequências simples repetidas "*in tandem*", contendo de 1 a 6 nucleotídeos na sequência de DNA. O polimorfismo do *loci* desses marcadores se dá devido as diferenças no número de repetições nas sequências de nucleotídeos. Essas variações ocorrem devido a erros que podem ocorrer durante o processo de replicação de DNA, causando variação no número de sequencias de cada individuo.

Desta forma, esses marcadores se destacam, principalmente em estudo de melhoramento por serem abundantes e uniformemente distribuídos por todo genoma, exibirem alto grau de polimorfismo, reprodutibilidade, requererem pequena quantidade de DNA, possuírem herança codominante e natureza multialélica (TURCHETTO, 2017; CHAUDHARI *et al.*, 2019).

Marcadores moleculares são amplamente utilizados em estudos da diversidade genética (ORTIZ *et al.* 2016; GANGAPUR *et al.* 2018; AFONSO *et al.* 2019; DARKWA *et al.* 2020), bem como, em aplicações na genética de populações, identificação de cultivares, no estudo de fluxo gênico e análise de paternidade (REDDY; SARLA; SIDDIQ, 2002).

Na cultura da mamoneira diversos trabalhos foram realizados utilizando marcadores moleculares do tipo SSR com o objetivo de determinar variabilidade genótipos, linhagens e cultivares de *R. communis* L., a exemplo dos trabalhos de Diamantino (2013), Bajay (2009), Machado (2011), Machado e Silva (2013), Brasileiro (2014), Gálová *et al.* (2015), Machado *et al.* (2016), Salihi *et al.* (2019), Chaudhari *et al.* (2019).

Desta forma, as características adicionais dos marcadores moleculares, quando analisadas conjuntamente com características morfoagronômicas, permitem uma análise mais completa do germoplasma (FALEIRO, 2007). Sendo assim, potencialmente um indicador mais completo da variabilidade existente em relação a quando analisadas isoladamente.

A técnica que permite a análise conjunta de dados qualitativos e quantitativos foi proposta por Gower (1971), que consiste em um algoritmo que estima a distância entre dois indivíduos, utilizando combinação de valores categóricos e numéricos. Embora a análise conjunta seja uma estratégia que confere resultados mais completos da variabilidade existente, é uma estratégia pouco explorada por pesquisadores. Isso ocorre provavelmente pela falta de conhecimentos de técnicas estatísticas que permitem essa abordagem, à carência de softwares livres que analisem esses dados conjuntamente, bem como pela tendência dos pesquisadores em dar mais importância a variáveis diretamente relacionadas com caracteres trabalhados em programas de melhoramento (GONÇALVES *et al.*, 2008).

Neste contexto, o trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre os genótipos da população F2 de *Ricinus communis* L. por meio da análise conjunta de caracteres morfoagronômicos e dados moleculares SSR, visando auxiliar os programas de melhoramento genético da espécie.

## **2 METODOLOGIA**

### **2.1 Material vegetal**

Os dados foram coletados de uma população F2 (segregante) de *Ricinus communis* L. oriunda da autofecundação da geração F1, dos cruzamentos de duas linhagens parentais homozigotas (UFRB160 x UFRB176), do programa de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO), em que estas são contrastantes para os seguintes descritores: estatura da planta, produtividade, número de sementes por

racemo, florescimento, peso de sementes por racemo e teor de óleo (BRASILEIRO, 2014, 2019; SILVA *et al.*, 2017).

Esta população foi desenvolvida na área experimental do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas – Bahia, situado no Recôncavo Baiano, e estabelecido entre as coordenadas geográficas 12° 40' 19" latitude sul, 39° 06' 23" de longitude oeste de Greenwich e altitude média de 220m (EMBRAPA, 1993).

## 2.2 Caracterização Fenotípica

Foram avaliados 16 descritores, alguns propostos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - Mapa (BRASIL, 2008) e outros sugeridos pelo UFRB/CCAAB/NBIO (2014), sendo:

**Quadro 1.** Descritores de mamoneira propostos pelo Mapa (BRASIL, 2008) e outros sugeridos pelo Núcleo de Melhoramento e Biotecnologia (NBIO).

<b>Descritores propostos pelo Mapa (BRASIL,2008)</b>		
<b>Descritores</b>	<b>Avaliação</b>	<b>Classes fenotípicas</b>
Florescimento da planta (FLO)	Subtraindo a data de florescimento pela data de germinação.	1. Precoce (até 30 dias). 2. Médio (31 a 60 dias). 3. Tardio (acima de 60 dias).
Inserção do Racemo Primário (IRP)	Medição realizada com uma trena do solo até o ponto de inserção do primeiro racemo.	1. Baixa (< 50 cm). 2. Média (51 a 100cm). 3. Alta (> 100 cm).
Diâmetro do caule (DC)	Medido na parte inferior do caule, utilizando paquímetro digital.	1. Fino (< 3 cm). 2. Médio (3 a 6 cm). 3. Longo (> 5 cm).
Número de Internódios do Caule (NIC)	Contagem da quantidade de cicatrizes presentes no caule.	1. Baixo (até 15). 2. Médio (16 a 18). 3. Alto (> 19).

Estatura da planta (EP)	A distância entre a superfície do solo e a extremidade apical da última folha.	1. Muito baixa (< 100 cm). 2. Baixa (101 a 150 cm). 3. Média (151 a 200 cm). 4. Alta (201 a 250 cm). 5. Muito alta (> 250 cm).
Peso de 100 sementes (P100)	Peso de 100 sementes a 9 % de umidade	1. Baixo (< 40 g). 2. Médio (41 a 55 g). 3. Alto (> 55 g).
<b>Descritores sugeridos pelo NBIO (2014)</b>		
<b>Descritores</b>	<b>Avaliação</b>	
Comprimento do racemo (CR)	Média do comprimento dos três primeiros racemos	
Número de frutos por racemo (NFR)	Média do número de frutos dos três primeiros racemos	
Peso dos frutos por racemo (PFR)	Média do peso dos frutos dos três primeiros racemos	
Número de semente por racemo (NSR)	Média da contagem do número de sementes dos três primeiros racemos	
Peso de Semente por racemo (PSR)	Média do peso das sementes dos três primeiros racemos	
Número de frutos por plantas (NFP)	Contagem do número de frutos dos três primeiros racemos	
Número de semente por plantas (NSP)	Contagem do número de sementes dos três primeiros racemos	
Peso de sementes por plantas (PSP)	Soma do peso das sementes dos três primeiros racemos, utilizando uma balança analítica	
Produtividade (PROD)	Calculada a estimativa em kg ha <sup>-1</sup> por planta	
Caráter teor de óleo (TOS)	Expresso em porcentagem, com o uso de técnica de Ressonância Magnética.	

### 2.3 Extração do DNA genômico

O DNA genômico foi extraído segundo protocolo descrito por Murray & Thompson (1980) modificado. Para fins de isolamento do DNA genômico foram realizadas coletas de folhas jovens e saudáveis dos 75 indivíduos da população (F2). O material foliar foi desinfestado em solução de hipoclorito de sódio a 20%, enxaguadas com água destilada em abundância e armazenadas em ultra-freezer a -80°C até o momento da extração.

Para a extração do DNA foram macerados aproximadamente 300 mg de tecido vegetal em almofariz na presença de nitrogênio líquido, em seguida o macerado foi transferido para microtubos de 2 ml e adicionaram-se 700 µL do tampão de extração (CTAB 2,0%; NaCl 1,4 M; Tris-HCl 100mM (pH 8,0); EDTA 20mM; polivinilpirrolidona 2% MW10000; β-mercaptoethanol 2% e água ultra-pura q.s.p.). Após, as amostras foram incubadas em banho-maria a 65°C por 60 minutos, sendo homogeneizadas a cada 15 minutos. Decorrido o tempo, adicionaram-se 700 µL de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1) as amostras. Em sequência, o material foi homogeneizado suavemente por 5 minutos e centrifugado por 10 minutos a 10.000 rpm. Logo após, coletou-se o sobrenadante. Para melhor purificação do material, as etapas de extração com clorofórmio: álcool-isoamílico foram repetidas. Ao sobrenadante foram adicionados 600 µL de álcool isopropílico gelado, o que equivale a proporção de 1:1 do volume coletado para precipitação do DNA.

Posteriormente as amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 10.000 rpm. O precipitado foi ressuscitado em 100 µL de tampão TE contendo dois microlitros de RNAase (10mg.ml<sup>-1</sup>) e em sequência incubadas em banho maria à 37°C por 30 minutos. Foram adicionados 20 µl de acetato de sódio 3M + 200 µl de etanol absoluto, ambos gelados, sendo incubado a -20°C/20 min.

Por fim, centrifugou-se as amostras por 10 minutos a 10.000 rpm. Em seguida, o precipitado foi lavado com 500 µL de etanol 70% gelado, centrifugados por 3 minutos a 6.000 rpm e seco a temperatura ambiente. O precipitado foi ressuscitado em 100ul de tampão TE contendo 2 µL de RNAse (10 mg/mL) e incubado em banho maria a 37°C durante uma hora. Findo este tempo, as amostras foram armazenadas em freezer a -20°C até o momento da utilização.

## 2.4 Quantificação do DNA genômico

Para avaliar a quantidade e qualidade do DNA extraído, foram adicionados um total de 5 µl do DNA diluído em 5 µl de solução corante (30% de glicerol e 25% de azul de bromofenol). Em seguida, as amostras foram aplicadas em gel de agarose 1%, corado com brometo de etídeo (0,5 mg.mL<sup>-1</sup>) e submetido à eletroforese por aproximadamente uma hora a uma tensão de 80 vts. A quantidade e qualidade do DNA foi avaliada por meio de análise comparativa, do DNA extraído, com um DNA de concentração conhecida DNA lambda (Invitrogen, Carlsbad, CA, EUA) em transluminador de UV e fotodocumentados por sistema digital Vilber Lourmat. Por fim, para a realização de reações de amplificação, diluíram-se as amostras em tampão TE para ajuste de sua concentração (5 ng/µL<sup>-1</sup>).

A diluição do DNA foi feita com água, baseando-se no seguinte cálculo:  $C_1 \times V_1 = C_2 \times V_2$  Onde:  $C_1$  = Concentração do DNA estimada no gel.  $V_1$  = Volume de água a ser adicionado para concentração de trabalho (5ng/µL).  $C_2$  = Concentração do DNA para trabalho (5ng/µL).  $V_2$  = Volume estipulado de DNA para trabalho (200µL).

## 2.5 Amplificação do DNA genômico com marcadores SSR

Inicialmente foi efetuada uma triagem para a seleção de iniciadores com bom padrão de amplificação. Para isto, foram realizados testes com 30 iniciadores SSR, sendo 20 desenvolvidos por BAJAY et al., (2009, 2011) e 10 por MACHADO e SILVA (2013) em DNA genômico de cinco acessos de mamoneira, sendo iniciadores já utilizados por diversos outros autores em *Ricinus communis* L. Destes, foram selecionados 17 marcadores (Tabela 01), tendo como critério de seleção a avaliação da nitidez dos fragmentos amplificados. Apenas os oligonucleotídeos que exibiram boa resolução foram selecionados para a etapa de amplificação.

As reações de amplificação foram otimizadas em volume final de 25 µL contendo 2,5 µL de tampão da enzima 10 X (100 mM Tris-HCl, pH 8,4 e 500 mM KCl), 0,8 µL de dNTP mix (2,5 mM de cada), 0,65 µL de MgCl<sub>2</sub> (50 mM), 0,5 µL de cada iniciador (*forward* e *reverse*, 20 mM), 0,2 µL de Taq DNA polimerase (5 U/µL - Invitrogen), 3 µL de DNA genômico (5 ng/µL), e água ultra-pura q.s.p.

As amplificações foram realizadas em esquema *touch-up* de acordo com o seguinte programa: 94 °C por 5 min; 35 ciclos a 94 °C por 1min, temperaturas entre

60° C e 64° C por 1 min a depender do par de iniciador (tabela 01); 72 °C por 1 min e extensão final de 72 °C por 10min em termociclador modelo Veriti® 96-well (Applied Biosystems).

Tabela 01 – Caracterização dos iniciadores SSRs utilizados na genotipagem dos 75 genótipos da família F2 de mamoneira.

Denominação	Sequência 5'-3'	Ta	%CG	Motivo	Amplitude	Autor	NA	PIC
RcoM 03	F: ATGACCCCTTTGATGTGCTC R: GGCAGGTTTTGGACTCGTTA	62	50,0 50,0	(TA) <sub>18</sub> (AATAAA) <sub>2</sub>	234	Machadao et al. (2013)	13	0,875
RcoM 08	F: GCTATCCACATTGGTTCCCT R: AAGTTTTGGTGATGGCTGCT	63	50,0 45,0	(GAA) <sub>5</sub>	237-365	Machadao et al. (2013)	14	0,891
RcoM 07	F: CGGGTGAGAAGCAAGAGAAG R: TACAAGCCAAATAGTCCCC	63	55,0 50,0	(TTAATT) <sub>3</sub>	213-225	Machadao et al. (2013)	12	0,881
RcoM 15	F: ATGGAGGTCTTGTGAGGTGC R: AGCCCCTTCCTGTAGTTTTG	62	55,0 47,62	(GAA) <sub>5</sub>	105-106	Machadao et al. (2013)	10	0,867
RcoM 22	F: TTCACCCGCTATTCTCAACC R: CTCAACGACTTCCCTCCAAA	62	50,0	(ACT) <sub>5</sub>	113-118	Machadao et al. (2013)	12	0,871
RcoM 24	F: ACTTCATTGCCCTTGACAC R: TTAGGGGAGATTGAGGACTGATG	63	50,0 45,45	(AT) <sub>10</sub> (TG) <sub>7</sub>	214-221	Machadao et al. (2013)	6	0,764
RcoM 27	F: TCAAGTGACAAAGGACACATCT R: GTGACAGAATCAGCCTAAACC	63	40,91 47,62	(AG) <sub>20</sub>	251-330	Machadao et al. (2013)	13	0,874
RcoM 28	F: TTGGGTGTTATCCTCATTCC R: GGAGAAGAAGAAAGAAAAGGTG	63	45,0 40,91	(GAA) <sub>6</sub> (AGA) <sub>5</sub> (AAG) <sub>6</sub>	201-208	Machadao et al. (2013)	4	0,656
RcoM 30	F: TCCAAAATATAAGCCCTGCC R: TGGTCTGTTCTAAGCAATCCC	63	45,0 47,62	(CT) <sub>17</sub> (TA) <sub>25</sub>	436-439	Machadao et al. (2013)	6	0,725
Rco 23	F: CATGGATGTAGAGGGTCGAT R: CAGCCAAGCCAAAGATTTTC	62	47,5	(GA) <sub>15</sub> (AG) <sub>8</sub>	240-260	Bajay et al. (2010)	11	0,776
Rco 40	F: AACTGGATAAAGGGTATTTGG R: GCTTTTTGGTAGCAGTTTGA	60	41,9	(TC) <sub>5</sub> (CT) <sub>7</sub>	84-90	Bajay et al. (2010)	8	0,829
Rco 05	F: AGCCCAGAAATTGAAAAGA R: CAAACCCAAGCAAACCTCA	60	43,7	(TG) <sub>6</sub> (GA) <sub>22</sub> (GAA) <sub>4</sub>	264-280	Bajay et al. (2010)	12	0,860
Rco 06	F: GGGTGAAAATGAAGAGATTGG R: ATAACCCGTGAAGCATGGAC	60	45,0	(TG) <sub>11</sub>	266-306	Bajay et al. (2010)	14	0,872
Rco 11	F: GCGTGGACTAACTTCAAGCA R: CCCATTAGCATCGAGAAAG	60	50,0	(TC) <sub>10</sub> (GT) <sub>6</sub>	240-250	Bajay et al. (2010)	6	0,773
Rco 12	F: AAGACTGCACCTCCTCCTA R: TGCTGGAACAAACCTGATA	60	48,8	(TG) <sub>8</sub> (GA) <sub>6</sub>	220-224	Bajay et al. (2010)	10	0,875
Rco 15	F: CACGCACGTTAAAGCAAACCT R: GCGAAGAAACCAAATGGAG	60	45,0	(AG) <sub>18</sub>	220-230	Bajay et al. (2010)	12	0,869
Rco 20	F: CCAAAGGAATGTGGGACTC R: TGTGGAGAGGATGAAGAGGAA	60	48,8	(TC) <sub>23</sub>	300-320	Bajay et al. (2010)	10	0,858
<b>Média</b>							10,18	0,830

\*NA - Número de alelos \* PIC - Conteúdo de informação polimórfica

A eletroforese foi realizada em gel de agarose - 1000 (3%), corado com brometo de etídeo (0,5 mg.mL<sup>-1</sup>), em tampão TBE 0,5 x (45 mM Tris-borate, 1 mM EDTA e q.s.p de água destilada). Os produtos amplificados foram visualizados por meio de transluminador e fotodocumentados em um sistema digital *Kodak Science*. O tamanho dos fragmentos foi estimado por comparação visual com Ladder 100 pb (Invitrogen, Brasil).

## 2.6 Análise de dados

A genotipagem foi feita convertendo-se os dados obtidos a partir da amplificação dos marcadores SSR em código numérico por loco para cada alelo. Foram atribuídos valores de um até o número máximo de alelos encontrados por loco e por meio dessa codificação determinou-se a matriz de distância numérica.

A divergência genética foi estimada por meio da análise conjunta de dezessete caracteres quantitativo e marcadores moleculares (SSR). Para determinação da dissimilaridade entre os genótipos foi utilizado o coeficiente descrito por de Gower (1971) expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{K=1}^P W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{K=1}^P W_{ijk}}$$

Sendo: K é o número de variáveis (k = 1, 2, ..., p=número total de características avaliadas); i e j, dois indivíduos quaisquer;  $W_{ijk}$  é um peso dada a comparação ijk, atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos);  $S_{ijk}$  é a contribuição da variável k na similaridade entre os indivíduos i e j, possuindo valores entre 0 e 1. Para uma variável nominal, se o valor da variável k é a mesma para ambos os indivíduos, i e j, então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a 0; para uma variável contínua  $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$  em que  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável k para os indivíduos i e j, respectivamente, e  $R_k$  é a amplitude de variação da variável k na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais.

Os agrupamentos hierárquicos dos genótipos foram obtidos pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method With Arithmetic Averages). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC) (SOKAL e ROHLF, 1962) entre as matrizes de dissimilaridade e agrupamento e sua significância calculada pelo teste de Mantel com 10000 permutações (MANTEL,

1967). Todos os resultados foram obtidos por meio dos recursos computacionais dos programas: R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2020).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os 30 pares de iniciadores SSR testados na genotipagem dos genótipos da família gênica F2 de mamona, o polimorfismo foi detectado em 17 locos (57%). A figura 1 apresenta os locos SSR amplificados pelos pares de iniciadores Rco12, Rco23, RcoM15, RcoM22, Rco24, Rco5, Rco6, Rco11 e Rco15, Rco20, Rco40, RcoM3, RcoM7, RcoM8e RcoM 27. Obteve-se um total de 173 alelos, com média de 10,18 alelos por locos (Tabela 1).

Estudos utilizando marcadores SSR na cultura da mamoneira mostraram uma porcentagem menor de polimorfismo. Por exemplo, Machado *et al.* (2016), ao estudar uma população F4 com 32 indivíduos, por meio de 53 pares de primers de SSR, observaram polimorfismo de 15,09%. Bajay (2009), por outro lado, encontrou polimorfismo maiores (63,4%) ao estudar a diversidade genética de 38 acessos de mamona, no qual foi identificado um total de 41 locos, sendo destes 26 polimórficos.

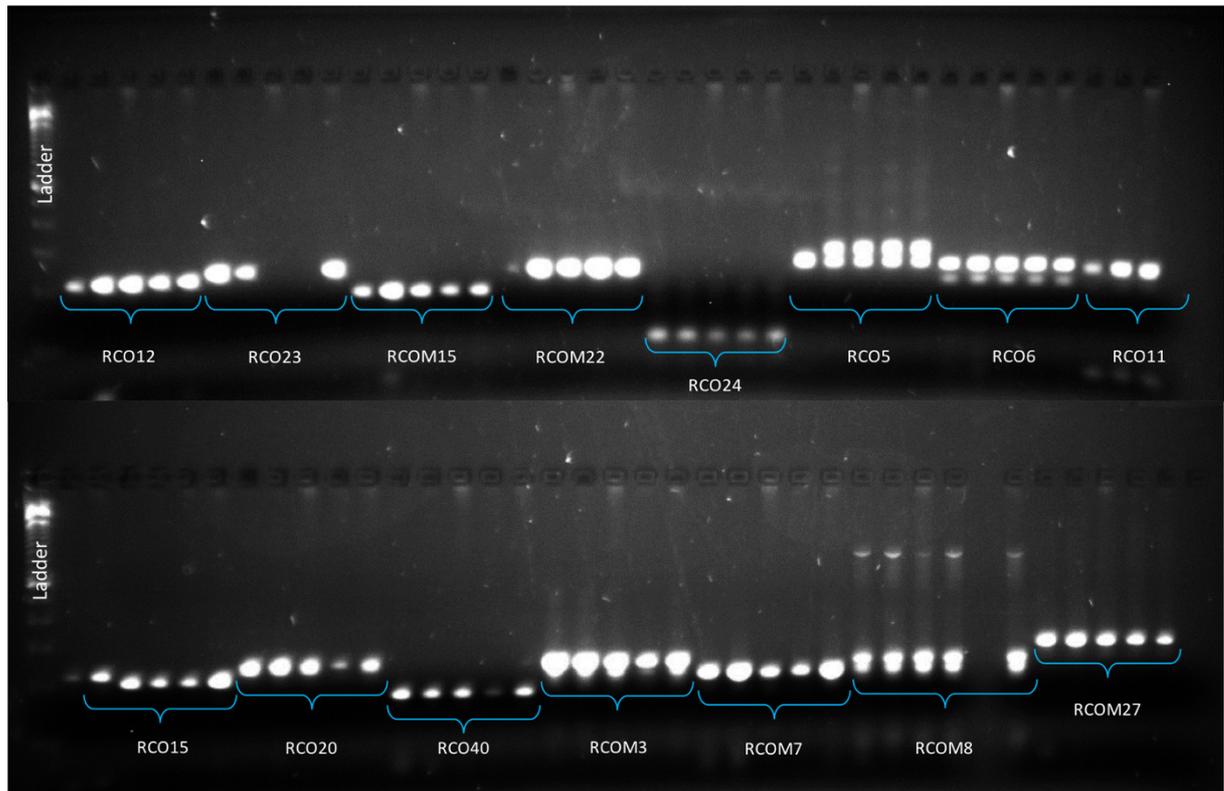
Resultados semelhantes também foram obtidos por Brasileiro (2014), que encontrou o polimorfismo de 67,92%, ao avaliar diversidade genética entre 47 linhagens elites de mamoneira de uma população (F6).

Variações nas sequências de DNA levam a uma maior diversidade genética. Os valores de PIC foram elevados, variando de 0,656 (RcoM28) a 0,891(RcoM8), com média de 0,830, sendo que os locos Rco 06 e RcoM 08 foram os que apresentaram o maior número de alelos totais, 14. A maioria dos iniciadores revelaram um elevado conteúdo de informação de polimorfismo (PIC), acima de 80% de acordo classificação de Botstein *et al.* (1980), que agrupa os valores de PIC em três níveis: pouco informativo (PIC <0,25); moderadamente informativo (0,25 <PIC <0,5) e altamente informativo (PIC> 0,5).

Resultados semelhantes foram encontrados por Gálová *et al.* (2015) que obtiveram valores de PIC de 0,719 a 0,860 com valor médio de 0,813, ao avaliarem a diversidade genética de 60 genótipos de mamoneira usando 10 *primers* SSR. Vivodík *et al.* (2019) obtiveram valores variando de 0,618 a 0,846, com uma média de 0,761, ao avaliarem a diversidade genética entre 56 genótipos de mamona tunisiana, com base em 18 marcadores RAPD. Vivodík *et al.* (2020), avaliando a divergência genética

em genótipos de *R. communis*, por meio de marcadores moleculares TRAP, obtiveram valores mínimo de PIC de 0,555 e valor máximo de 0,961, com média de 0,770.

O PIC estima o poder discriminatório de um *locus*, identificando não só apenas o número de alelos, mas também as frequências relativas destes (MACHADO *et al.*, 2016).



**Figura 1.** Perfil eletroforético, em gel de agarose 3%, obtido a partir da amplificação do DNA genômico de genótipos da população F2 de *Ricinus communis* L por meio de iniciadores SSR. O peso molecular de todas as amostras foi obtido por comparação entre a amostra e o Ladder de 100 pb (Primeira amostra da esquerda para direita de cada fileira).

A distância genética calculada pelo número de discordância existente entre os genótipos, observado na matriz genética dos genótipos da população F2 obtido a partir do coeficiente de dissimilaridade de Gower, baseado na análise conjunta dos dados morfoagronômicos e molecular, revelou variação de distância de 0,038 e 0,668, com média de 0,30 entre os genótipos estudados.

Os genótipos mais similares geneticamente foram UFRB186 e UFRB185, com o valor mínimo de 0,038 e os mais dissimilares geneticamente foram os acessos UFRB616 x UFRB346, com o valor máximo de 0,668. Deste modo, esses genótipos

apresentam-se como constituições genéticas mais promissoras dentro de um programa de melhoramento genético.

Vasconcelos (2011), avaliando a divergência genética de acessos de mamoneira, utilizando marcadores dominantes AFLP e ISSR, obteve a distância genética de 0,104 a 0,312 e de 0,156 a 0,454, respectivamente. Goodarzi et al. (2015), ao avaliar 12 genótipos de mamoneira, também por meio de marcador ISSR, obtiveram distância genética mínima 0,20 e máxima de 0,56. Boateng et al. (2019), avaliando a diversidade de 473 materiais de mamonas selvagem, encontrou a distância genética variando de 1,04 a 25,02 com uma distância genética média de 13,03, resultados estes, inferiores ao encontrado neste estudo.

Ao contrário, Machado et al. (2016) observaram uma variação genética de 0,708 e a menor, de 0,00. Altos valores de distância genética também foram observados por Kanti et al. (2014), que constataram variação de 0,65 a 0,90 entre 51 acessos de mamoneira por meio de 35 marcadores SSR. Thatikunta *et al.* (2016), obtiveram variação de 0,24 a 0,83 entre 27 acessos de mamoneira com marcadores SSR. Simões *et al.* (2017), avaliando linhagens elites de mamoneira por meio da análise conjunta para TOS e marcadores TRAP, obtiveram uma variação de distância genética de 0,19 a 0,97, com média de 0,47.

Os genótipos mais similares, UFRB186 e UFRB185, apresentaram os seguintes valores para as características avaliada FLO (70,00; 69,00), IRP (84,00; 73,00), DC (20,76; 22,43), NIC (17,00; 16,00), EP (1,23; 0,98), PFR (68,14; 64,29), CT (15,75; 18,67), NFR (43,00; 47,00), NSR (70,48; 84,60), PSR (41,10; 39,76), NSP (281,92; 338,40), PSP (123,29; 119,29), NFP (129,00; 141,00), PRO (1022,05; 964,30), P100 (32,20; 31,24), (44,44; 46,81), respectivamente. Já os genótipos mais distantes geneticamente UFRB 616 e UFRB336, apresentaram os seguintes valores FLO (86,00; 81,00), IRP (70,00; 73,00), DC (16,00; 25,43), NIC (15,00; 17,00), EP (1,20; 1,34), PFR (140,60; 72,54), CT (36,00; 15,88), NFR (46,00; 57,50), NSR (117,00; 158,75), PSR (85,50; 45,75), NSP (118,00; 635,00), PSP (85,50; 219,27), NFP (47,00; 230,00), PRO (706,00; 1450,70), P100 (87,90; 34,00), (58,90; 45,14), respectivamente.

O conhecimento das diferentes constituições genéticas dentro e entre populações e/ou grupos de genótipos é de suma importância para qualquer programa de melhoramento genético, uma vez que permite aos melhoristas identificar indivíduos/genitores com diferenças genéticas, que possibilitem a obtenção de

progênes com maior heterose, ampliando a base genética da população e a probabilidade na obtenção de indivíduos superiores (CRUZ e REGAZZI, 1997)

Com base no dendrograma obtido, foi possível separar os genótipos da família gênica F2 de mamona em dois grupos distintos: **Grupo 1** - UFRB 607, UFRB 616, UFRB618, UFRB621, UFRB 623, UFRB 629, UFRB 713 e UFRB 705. **Grupo 2** - UFRB161, UFRB167, UFRB168, UFRB170, UFRB171, UFRB172, UFRB173, UFRB174, UFRB176, UFRB178, UFRB179, UFRB180, UFRB181, UFRB182, UFRB183, UFRB184, UFRB185, UFRB186, UFRB187, UFRB190, UFRB332, UFRB335, UFRB342, UFRB344, UFRB346, UFRB347, UFRB348, UFRB349, UFRB350, UFRB351, UFRB352, UFRB353, UFRB354, UFRB355, UFRB357, UFRB358, UFRB601, UFRB602, UFRB604, UFRB605, UFRB606, UFRB610, UFRB611, UFRB612, UFRB613, UFRB615, UFRB622, UFRB625, UFRB630, UFRB701, UFRB702, UFRB703, UFRB704, UFRB706, UFRB708, UFRB710, UFRB718, UFRB719, UFRB720, UFRB723 e UFRB726 (Figura1), sendo que 11,59% dos genótipos ficaram agrupados no Grupo 1 (8 genótipos), enquanto o Grupo 2 reuniu 88,40% dos genótipos (61 genótipos).

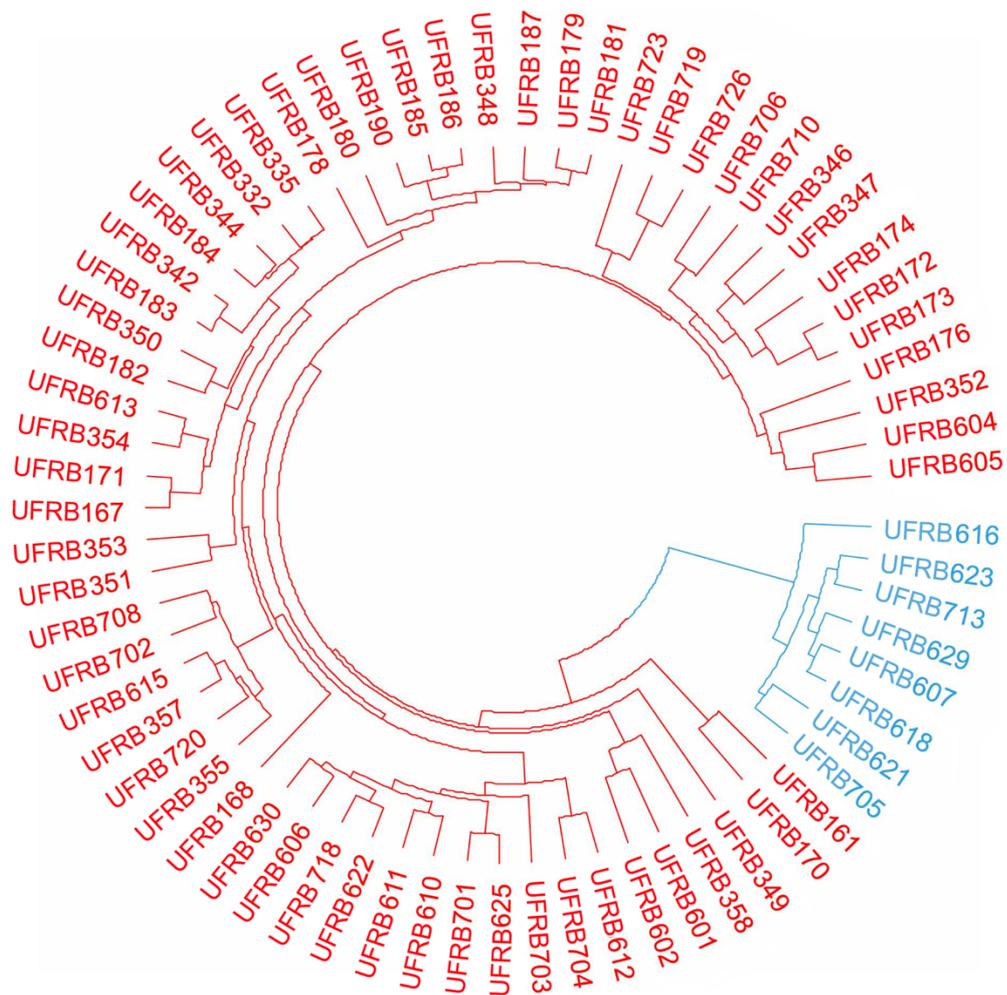
Vale ressaltar que apesar da formação de apenas 2 grupos, é possível observar a formação de subgrupos (Figura 1). No Grupo 02 houve a formação de 17 subgrupos, considerando a distância de 0,2.

A técnica de agrupamentos, consiste em agrupar inicialmente os elementos por sua similaridade, cujos genótipos são combinados de acordo a suas semelhanças, no entanto eventualmente, como a semelhanças diminui, todos os subgrupos são fundidos em um único *cluster*. Entretanto, se a estimativa de distância entre pares de indivíduos dentro do grupo é de elevada magnitude, justifica-se o subagrupamentos (ABREU et al., 2004).

A formação de subgrupos pode estar atrelada a diferenças no número de pares de bases da população, quando há existência de poucos pares de bases, mas que propiciam diferenças nos indivíduos há a formação de subgrupos. Quando há um elevado número de pares de bases que propiciem maiores diferenças entre os indivíduos ocorre a formação de grupos. Outra hipótese para explicar a concentração da maioria dos genótipos no grupo 01, é o fato de estes serem oriundos de um único cruzamento (UFRB160 x UFRB176). O que corrobora com Lederman, (2000) e Silva et al., (2012) que explica que quando a maioria dos acessos são próximos

geneticamente, possivelmente é devido a uma mesma origem genética ou simplesmente por apresentarem pouca segregação.

Figura 1 – Representação gráfica da divergência genética entre 69 genótipos da família F2 UFRB/CCAAB/NBIO com base na análise conjunta de descritores morfo-agronômicos e marcadores moleculares SSR's, gerados pelo método de agrupamento de UPGMA e distância de dissimilaridade genética de Gower.



Fonte: Autoria Própria, 2020

Resultados semelhantes foram encontrados por: Silva *et al.* (2012) que avaliaram 5 cultivares; Afonso, (2013), que avaliou 20 acessos do banco ativo de germoplasma de mandioca; Lakhani *et al.* (2015) que avaliaram a diversidade

molecular de 13 acessos de mamoneira; Vivodík et al. (2015) e Chaudhari *et al.* (2019) ao avaliarem a diversidade genética em genótipos de *R. communis*. Todos estes autores, identificaram também a formação de 2 grupos distintos; Boateng *et al.* (2019), avaliando a divergência genética de 473 acessos de mamona selvagem do Sul da China, usando marcadores SRAP, obtiveram também a formação de dois grupos distintos. Também são encontrados trabalhos que obtiveram maior número de grupos distintos, contrariando os obtidos nesse trabalho.

A correlação cofenética (CCC) entre a matriz de distância e a matriz de agrupamento foi de 0,8609\*\* (significativo pelo teste de Mantel com 10000 permutações), o que indica ótima correlação. Segundo Rohlf (1970), valores de correlação cofenética menores que 0,70 indicam inadequação do método de agrupamento, seguindo esse princípio, o valor encontrado pelo presente estudo indica que o método de UPGMA foi adequado no agrupamento dos genótipos.

Este resultado é favorável ao programa genético da mamoneira, pois fornecem informações quanto as constituições genéticas dos genótipos avaliados fornecendo subsídio para o estabelecimento de estratégia para a condução das próximas gerações, bem como manejo do germoplasma disponível.

## **CONCLUSÕES**

A análise simultânea dos dados moleculares SSRs e caracteres morfoagronômicas se mostra eficiente para a avaliação da divergência genética dos genótipos da família F2. Há formação de dois grupos distintos.

Os genótipos que se apresentam mais similares são UFRB186 e UFRB185 e os mais distantes geneticamente são UFRB 616 e UFRB336 sendo potenciais para futuras hibridações dentro do programa na busca por ampliação da base genética da espécie.

## **AGRADECIMENTOS**

À Petrobrás Biocombustível e a Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis (ANP), à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio técnico e financeiro.

## REFERÊNCIAS

- ABREU, F.B. LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JR., A.T; SILVA, D.J.H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.3, p.547–552, 2004. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362004000300009&script=sci\\_abstract&lng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362004000300009&script=sci_abstract&lng=pt) Acesso em: 27 set. 2020.
- AFONSO, Sandra Domingos João et al. Genetic structure of cassava populations (*Manihot esculenta* Crantz) from Angola assessed through (ISSR) markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 18, n. 7, p. 144-154, 2019. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJB/article-abstract/02F1AD760200> Acesso em: 26 jul. 2020.
- AFONSO, S. D. J. **Seleção de descritores morfológicos e divergência genética em acessos de mandioca**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 78f, 2013.
- AGYENIM-BOATENG, Kwadwo Gyapong et al. SRAP analysis of the genetic diversity of wild castor (*Ricinus communis* L.) in South China. **PloS one**, v. 14, n. 7, p. e0219667, 2019. Disponível em <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0219667> Acesso em: 03 ago. 2020.
- ARAÚJO, IM da S. et al. Caracterização físico-química do óleo de genótipos de mamona. In: Embrapa Algodão-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MAMONA**, 3., 2008, Salvador. Energia e ricinoquímica: anais. Salvador: SEAGRI: Embrapa Algodão, 2008. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/277422/1/OCP12.pdf> Acesso em: 10 dez. 2018.
- BAHIA, Henrique Fortes et al. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 3, p. 357-362, 2008. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2008000300010&script=sci_arttext) Acesso em: 02 ago. 2020
- BAJAY, M. M.; PINHEIRO J. P.; BATISTA, C. E. A.; NÓBREGA, M. B. M.; ZUCCHI M. I. Development and characterization of microsatellite markers for castor (*Ricinus communis* L.), an important oleaginous species for biodiesel production. *Conservation Genetic Resources*, Durham, 2009. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs12686-009-9058-z> Acesso em: 13 ago. 2020.
- BAJAY, Miklos Maximiliano et al. Development of a novel set of microsatellite markers for castor bean, *Ricinus communis* (Euphorbiaceae). **American Journal of Botany**, v. 98, n. 4, p. e87-e89, 2011. Disponível em: <https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.3732/ajb.1000395> Acesso em: 03 ago. 2020.

BOTSTEIN, David et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American journal of human genetics**, v. 32, n. 3, p. 314, 1980. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1686077/> Acesso em: 13 ago. 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de mamona (*Ricinus communis* L.). Brasília – DF, 2008, 10p. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-agricolas/mamona-formulario-01-08-2008-p.doc>

BRASILEIRO, H. S. Seleção de linhagens elites de mamoneira por meio de marcadores microsatélites e caracteres teor de óleo e peso de sementes por planta. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 76f, 2014. Disponível em: [https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205\\_2014-CJGPB](https://www.agriculturejournals.cz/web/cjgpb.htm?type=article&id=205_2014-CJGPB)

BRASILEIRO, H. S. S. **Análise genética molecular de linhagens de mamoneira para obtenção de híbridos via cruzamentos dialélicos**. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas – BA, 70f, 2019.

CHAUDHARI, Bharat A. et al. Assessment of genetic diversity in castor (*Ricinus communis* L.) using microsatellite markers. **Biosci Biotechnol Res Asia**, v. 16, n. 1, p. 61-69, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.13005/bbra/2721> Acesso em: 13 ago. 2020.

COSTA, Mauro Nóbrega da et al. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 11, p. 1617-1622, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006001100007> Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2006001100007&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2006001100007&script=sci_arttext) Acesso em: 25 jul. 2020.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, 2 ed. Viçosa: UFV, 1997, 390p.

DARKWA, Kwabena et al. Avaliação comparativa de matrizes de diversidade genética e métodos de agrupamento em inhame branco (*Dioscorea rotundata*) com base em marcadores morfológicos e moleculares. **Relatórios científicos**, v. 10, n. 1, pág. 1-14, 2020. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-69925-9> Acesso em: 10 ago. 2020.

DE ARRUDA RODRIGUES, Helen Cristina; DE CARVALHO, Samuel Pereira; DE CARVALHO, Alexandre Alves. Determinação de divergência genética entre acessos de mamoneira por meio de caracteres multicategóricos. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 3, p. 247-254, 2014. Disponível em:

<https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5696> Acesso em: 10 ago. 2020.

FALEIRO, Fábio Gelape. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. Disponível em: [http://www.cpac.embrapa.br/publico/usuarios/uploads/maracujap&d/resumos/1\\_53.pdf](http://www.cpac.embrapa.br/publico/usuarios/uploads/maracujap&d/resumos/1_53.pdf) Acesso em: 02 fev. 2020.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division) (FAO, 2017). Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> Acesso em: 13 jan. 2020.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: Embrapa Cenargen, 3.ed., p.220., 2008.

GÁLOVÁ, Zdenka *et al.* **Identification and differentiation of Ricinus communis L. using SSR markers**. Potravinarstvo, [S.L.], v. 9, n. 1, p. 556-561, 17 dez. 2015. HACCP Consulting. <http://dx.doi.org/10.5219/516>. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/290991503\\_Identification\\_and\\_differentiation\\_of\\_Ricinus\\_communis\\_L\\_using\\_SSR\\_markers](https://www.researchgate.net/publication/290991503_Identification_and_differentiation_of_Ricinus_communis_L_using_SSR_markers). Acesso em: 17 ago. 2020.

GANGAPUR, Doddabhimappa R.; AGARWAL, Parinita; AGARWAL, Pradeep K. Marcadores moleculares para estudos de diversidade genética em *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.). **AIMS Environmental Science**, v. 5, n. 5, pág. 340, 2018. Disponível em: <https://www.aimspress.com/fileOther/PDF/environmental/environ-05-05-340.pdf> Acesso em: 20 ago. 2020.

GONÇALVES, L. S. A. et al. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1289-1297, 2008. Disponível em: <https://geneticsmr.com/year2008/vol7-4/pdf/gmr526.pdf> Acesso em: 30 jul. 2020.

GOODARZI, Farnaz; DARVISHZADEH, Reza; HASSANI, Abbas. Genetic analysis of castor (*Ricinus communis* L.) using ISSR markers. **Journal of Plant Molecular Breeding**, v. 3, n. 1, p. 18-34, 2015. Disponível em: [http://www.jpmb-gabit.ir/article\\_14130\\_4.html](http://www.jpmb-gabit.ir/article_14130_4.html) Acesso em: 17 ago. 2020.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v.27, p. 857-874, 1971. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0219667> Acesso em: 06 ago. 2020

JEONG, Gwi-Taek; PARK, Don-Hee. Optimization of biodiesel production from castor oil using response surface methodology. **Applied biochemistry and biotechnology**, v. 156, n. 1-3, p. 1-11, 2009. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12010-008-8468-9> Acesso em: 06 jan. 2020

KANTI, M.; ANJANI, K.; VENKATRAMYA, K. Molecular Diversity in Castor Germplasm Collection Originated from North-Eastern Hill Province of India. **International Journal Research for Scientific Innovations**, v.1, p. 1-6, 2014. Disponível em: <https://www.semanticscholar.org/paper/Molecular-Diversity-in-Castor-Germplasm-Collection-Meena-VenkatRamya/ebec027796aea225a6c54cac9870203120ecc4b6> Acesso em: 05 jan. 2019.

KANTI, Meena et al. Agro-morphological and molecular diversity in castor (*Ricinus communis* L.) germplasm collected from Andaman and Nicobar Islands, India. 2015. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/283125113\\_Agromorphological\\_and\\_Molecular\\_Diversity\\_in\\_Castor\\_Ricinus\\_communis\\_L\\_Germplasm\\_Collected\\_from\\_Andaman\\_and\\_Nicobar\\_Islands\\_India](https://www.researchgate.net/publication/283125113_Agromorphological_and_Molecular_Diversity_in_Castor_Ricinus_communis_L_Germplasm_Collected_from_Andaman_and_Nicobar_Islands_India) Acesso em: 05 jan.2019.

LAKHANI, H. N. et al. RAPD analysis of genetic diversity of castor bean (*Ricinus communis* L.). **Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci**, v. 4, n. 1, p. 696-703, 2015. Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Sahil\\_Patel3/publication/270740777\\_RAPD\\_analysis\\_of\\_genetic\\_diversity\\_of\\_castor\\_bean\\_Ricinus\\_communis\\_L/links/54b389f40cf28ebe92e2ea0e/RAPD-analysis-of-genetic-diversity-of-castor-bean-Ricinus-communis-L.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Sahil_Patel3/publication/270740777_RAPD_analysis_of_genetic_diversity_of_castor_bean_Ricinus_communis_L/links/54b389f40cf28ebe92e2ea0e/RAPD-analysis-of-genetic-diversity-of-castor-bean-Ricinus-communis-L.pdf) Acesso em: 27 jul.2020.

LEDERMAN, I. E.; SILVA JÚNIOR, J. F.; BEZERRA, J. E. F.; ESPÍNDOLA, A. C. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000, 53p. (Série Frutas nativas 2).

MACHADO, E. L.; SILVA, S. A.; FERNANDES, L. S.; BRASILEIRO, H. S. Genetic variability and homozygosity in a F4 castor bean population by microsatellite markers, *Revista Bragantia*, p.1-7, 2016. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S000687052016005008103&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S000687052016005008103&script=sci_arttext) Acesso em: 18 ago. 2020.

MACHADO, E. L.; SILVA, S. A.; SANTOS, A. S.; BASTOS, L. A.; PESTANA, C. N.; SANTOS, K. S.; FERREIRA, C. F.; DIAMANTINO, M. S. A. S. Dissimilaridade genética entre cultivares de mamoneira por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.48, n.3, p.342-345, 2013. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2013000300014&script=sci\\_arttext&tlng=pt](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X2013000300014&script=sci_arttext&tlng=pt) Acesso em: 18 ago. 2020.

MACHADO, Edna Lobo et al. Design and validation of SSR microsatellite primers for castor bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 48, n. 11, p. 1457-1463, 2013. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20143133417> Acesso em: 18 ago. 2020.

MANTEL, Nathan. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer research**, v. 27, n. 2 Part 1, p. 209-220, 1967. Disponível em: [https://cancerres.aacrjournals.org/content/27/2\\_Part\\_1/209.short](https://cancerres.aacrjournals.org/content/27/2_Part_1/209.short) Acesso em: 29 ago. 2020.

MILACH, SCK. Marcadores moleculares nos recursos genéticos e no melhoramento de plantas. Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro. Petrolina: **Embrapa Semiárido**, 1999. Disponível em: <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/marcadormolecular.pdf> Acesso em: 27 Jul. 2020.

MOURA, M. C.C. L., GONÇALVES, L. S. A., SUDRÉ, C. P., RODRIGUES, R., AMARAL JÚNIOR, A. T., PEREIRA, T. N. S. Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura Brasileira**, n 2, v.28, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362010000200003> Acesso em: 20 set. 2020.

MURRAY, G. M.; THOMPSON, W. F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. **Nucleic Acid Research**, Oxford, v.8, p.4321-4325, 1980.

OLIVEIRA, Ronaldo Simão de et al. Genetic divergence on castor bean using the ward-mlm strategy. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 3, p. 564-570, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902013000300019> Acesso em: 02 ago. 2020.

ORTIZ, Alex Henrique Tiene et al. Population structure and genetic diversity in sweet cassava cultivars from Paraná, Brazil. **Plant molecular biology reporter**, v. 34, n. 6, p. 1153-1166, 2016. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11105-016-0995-x> Acesso em: 25 Jul. 2020.

PARENTE, EJ de S. et al. Biodiesel: uma aventura tecnológica num país engraçado. **Fortaleza: tecbio**, v. 68, 2003. Disponível em: <http://www.sidalc.net/cgi-bin/wxis.exe/?IsisScript=AGB.xis&method=post&formato=2&cantidad=1&expresion=mfn=242635> Acesso em: 04 jan. 2020.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R. A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2020. Disponível em: URL <https://www.R-project.org/>.

REDDY, M. Pradeep; SARLA, N.; SIDDIQ, EA Polimorfismo de repetição de sequência simples inter (ISSR) e sua aplicação no melhoramento de plantas. **Euphytica**, v. 128, n. 1, pág. 17 de setembro de 2002. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1020691618797> Acesso em: 28 ago. 2020.

ROHLF, F. James. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Biology**, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970. Disponível em: <https://academic.oup.com/sysbio/article-abstract/19/1/58/1647480> Acesso em: 03 set. 2020.

SALIHU, Bolaji Zuluquineen et al. Assessment of Genetic Diversity of Promising Castor Bean (*Ricinus communis* L.) Genotypes in Nigeria. **Notulae Scientia Biologicae**, v. 11, n. 3, p. 467-474, 2019. Disponível em: <https://www.notulaebiologicae.ro/index.php/nsb/article/view/10346> Acesso em: 10 set. 2020.

SILVA, Adielle Rodrigues da et al. Genetic divergence among castor bean lines and parental strains using ward's method based on morpho-agronomic descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 3, p. 307-313, 2017. Disponível em: [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1807-86212017000300307&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1807-86212017000300307&script=sci_arttext) Acesso em: 08 jan. 2019.

SILVA, S. A.; CERQUEIRA, L. S.; VILARINHOS, A. D.; AMORIM, E. P.; MOREIRA, R. F.C.; COSTA, M. A. P. C. Variabilidade genética em cultivares de mamona por meio de marcadores RAPD. **Revista Magistra**, v. 24, n. 4, p. 341-347, 2012. Disponível em: [http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb\\_Docs\\_Fonte/BR2013007966.pdf](http://snida.agricultura.gov.br/binagri/bases/agb/Agb_Docs_Fonte/BR2013007966.pdf) Acesso em: 03 set. 2020.

SIMÕES, K. S. et al. Genetic divergence in elite castor bean lineages based on TRAP markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017. Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/genetic-divergence-in-elite-castor-bean-lineages-based-on-trap-markers-7454.html> Acesso em: 24 jan. 2019.

SIMÕES, K. S. et al. Joint analysis for oil content and TRAP markers in elite castor bean strains. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 4, 2020. Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/articles/joint-analysis-oil-content-and-trap-markers-elite-castor-bean-strains> Acesso em: 02 jan. 2021.

SOKAL, Robert R.; ROHLF, F. James. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, p. 33-40, 1962. Disponível em: [https://www.jstor.org/stable/1217208?casa\\_token=5qxZF69BChIAAAA%3AN9gnM6MB1yxdR12s1SgrF2-TqqutKgJPf8kgG1retvT86WJnTh1NsjQ\\_RfYXfOrhlaZOCraYb-lryH57vmQi7d11tl0Z3SkKMem2uBbcSDKTgpB8EcAVGg&seq=1#metadata\\_info\\_tab\\_contents](https://www.jstor.org/stable/1217208?casa_token=5qxZF69BChIAAAA%3AN9gnM6MB1yxdR12s1SgrF2-TqqutKgJPf8kgG1retvT86WJnTh1NsjQ_RfYXfOrhlaZOCraYb-lryH57vmQi7d11tl0Z3SkKMem2uBbcSDKTgpB8EcAVGg&seq=1#metadata_info_tab_contents) Acesso em: 05 set. 2020.

THATIKUNTA, Ramesh et al. Utilization of in silico EST–SSR markers for diversity studies in castor (*Ricinus communis* L.). **Physiology and molecular biology of plants**, v. 22, n. 4, p. 535-545, 2016. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12298-016-0367-x> Acesso em: 02 set. 2020.

TURCHETTO, C. Marcadores genéticos baseados em DNA. In: TURCHETTOZOLET, A. C; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. (Org). Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 2017. 181 p. Disponível em: [https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e\\_book\\_marcadores\\_moleculares\\_sbg\\_2017\\_final.pdf](https://www.sbg.org.br/sites/default/files/e_book_marcadores_moleculares_sbg_2017_final.pdf) Acesso em: 24 de novembro de 2018. Acesso em: 24 de fev. de 2019.

VIVODÍK, Martin et al. Evaluation of molecular diversity of new castor lines (*Ricinus communis* L.) using random amplified polymorphic DNA markers. **Horticultural Biotechnology Research**, p. 1-4, 2015. Disponível em: <http://updatepublishing.com/journal/index.php/hbr/article/view/2845> Acesso em: 01 out. 2020.

VIVODÍK, Martin et al. Genetic diversity in Tunisian castor genotypes (*Ricinus communis* L.) detected using RAPD markers. **Potravinarstvo Slovak Journal of**

**Food Sciences**, v. 13, n. 1, p. 294-300, 2019. Disponível em: <https://www.potravinarstvo.com/journal1/index.php/potravinarstvo/article/view/1116> Acesso em: 01 out. 2020.

VIVODÍK, Martin; GÁLOVÁ, Zdenka; BALÁŽOVÁ, Želmíra. Genetic divergence in Tunisian castor bean genotypes based on trap markers. **Potravinarstvo Slovak Journal of Food Sciences**, v. 14, p. 510-518, 2020. Disponível em: <https://potravinarstvo.com/journal1/index.php/potravinarstvo/article/view/1292> Acesso em: 01 out. 2020.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A mamoneira é uma cultura de elevado potencial econômico, uma vez que o óleo extraído de suas sementes apresenta propriedades únicas em relação aos outros óleos vegetais, sendo matéria-prima para uma gama de processos industriais. Além disso, apresenta-se com grande importância social, principalmente na região do Nordeste brasileiro, com destaque para o estado da Bahia, onde a cultura serve como fonte de renda para pequenos produtores.

O estado da Bahia atualmente se destaca como maior produtor da cultura com cerca de 87,39% da produção nacional. Todavia, o sistema de produção e cultivo ainda são precários, o que compromete a produtividade média que corresponde à 286 kg ha<sup>-1</sup>.

Acredita-se que os principais entraves para o aumento do rendimento são o baixo nível tecnológico, disponibilidade de sementes de qualidade e a falta de programas de melhoramento que desenvolvam materiais genéticos adaptados às diferentes condições edafoclimáticas. Nesse sentido, o melhoramento genético pode contribuir com o desenvolvimento de cultivares com características que facilite o seu manejo e produção, adaptadas a diferentes condições de clima e mais produtivas, que atendam as necessidades do mercado e do pequeno agricultor.

O programa de melhoramento genético da mamoneira do NBIO desde 2005 vem desenvolvendo trabalhos para obtenção de linhagens melhoradas, que tenha alto teor de óleo, porte reduzido, mais produtivas e tolerantes para regiões semiáridas e tem conseguido excelentes progressos para a cultura.

Sendo assim, identificar a presença de variabilidade genética, diferentes constituições genéticas por meio da análise da divergência genética e avaliação do desempenho morfoagronômico contribui com as pesquisas para o desenvolvimento de linhagens melhoradas e de novas cultivares.

Neste estudo, a avaliação da família F2, por meio de caracteres morfoagronômico e da análise conjunta com marcadores moleculares permitiram a obtenção de resultados promissores que servirão de suporte ao programa de melhoramento da espécie. Dentre estes podemos citar: variabilidade genética observadas, identificação de constituições genéticas divergentes e promissoras que podem ser utilizadas em futuras seleções e obtenção de ganhos genéticos.

As análises de correlação baseada nas características morfoagronômica permitiram observar correlações favoráveis entre si a exemplo da correlação negativa entre a variável florescimento e produtividade, sendo de grande importância para a seleção indireta para a produtividade. Por outro lado, foi observado que estes caracteres, principalmente os de finais de ciclo sofrem fortemente com a influência do ambiente, nesse sentido a seleção para a maioria dos caracteres devem ser aplicadas em gerações avançadas. O que destaca para a necessidade da utilização de métodos de melhoramento mais rigorosos como o genealógico e o single seed descendent (SSD) sejam aplicados nas populações segregantes com o intuito de alcançar maiores progressos genéticos. O avanço das populações segregantes permitirá num futuro bem próximo a obtenção de linhagens superiores que possibilitarão o desenvolvimento de cultivares adaptadas, altamente produtivas, que apresente precocidade, porte reduzido e tolerantes às principais pragas e doenças.

Através da análise conjunta dos descritores morfoagronômicos e marcadores SSR foi possível verificar a formação de dois grupos, além disso, foi verificado a formação de subgrupos demonstrando a existência de viabilidade genética entre os genótipos de mamoneira avaliados.