

RICARDO GALVÃO DE FREITAS

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Jatropha curcas* L.

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2015

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da
Universidade Federal de Viçosa - Campus Viçosa

T

F866a Freitas, Ricardo Galvão de. 1984-
2015 Avaliação e seleção de genótipos de *Jatropha curcas* L. /
Ricardo Galvão de Freitas. - Viçosa, MG, 2015.
vi, 48f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.40-48.

1. *Jatropha curcas*. 2. Melhoramento Genético. 3. Biodiesel.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia.
Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 583.69

RICARDO GALVÃO DE FREITAS

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Jatropha curcas* L.

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 6 de fevereiro de 2015.

Messias Gonzaga Pereira

Aluizio Borém de Oliveira

Laércio Junio da Silva

Rodrigo Oliveira de Lima

Luiz Antônio dos Santos Dias
(Orientador)

A Deus,

A toda minha família, em especial

aos meus pais Rui de Paula Freitas e Maria Luisa Galvão Freitas,

a meus irmãos Janaína Galvão de Freitas e Rodrigo Galvão de Freitas,

e a minha esposa Thaís Furtado Mendes.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar a Deus, por estar sempre ao meu lado e pelas bênçãos e graças derramadas sobre mim, e por mais uma etapa vencida.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade da realização deste aperfeiçoamento.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado sanduíche realizado junto a Texas A&M University, College Station, Texas, Estados Unidos.

Ao professor Luiz Antônio dos Santos Dias, por ter sido mais que um orientador, antes um amigo.

Ao professor Marcos Deon Vilela de Resende pela ajuda nas análises estatísticas.

A todos da equipe *Jatropha* que contribuíram para a realização deste trabalho.

A todos os funcionários do Campo Experimental da UFV em Araponga, pela amizade e ajuda na condução do experimento que proporcionou a elaboração deste trabalho.

Agradeço aos membros da banca de defesa de tese, pela participação nesta importante conquista.

Um agradecimento especial a minha família e a minha esposa pela paciência, amor, amizade, colaboração e apoio no decorrer desses anos.

Enfim, o meu reconhecimento e a minha gratidão a todos aqueles que, de alguma forma, auxiliaram na realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	v
ABSTRACT	vi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Biocombustíveis	3
2.2. Biodiesel no Brasil.....	4
2.2.1. Importância econômica	6
2.3. Espécies vegetais com potencial para produção de biodiesel	7
2.4. <i>Jatropha curcas</i> L.	7
2.4.1. Centro de origem	10
2.4.2. Descrição botânica	11
2.4.3. Melhoramento genético	13
3. OBJETIVOS	18
4. MATERIAL E MÉTODOS	18
5. RESULTADOS	23
5.1. Estatística descritiva	23
5.2. Estimativas de parâmetros genéticos	24
5.3. Seleção de famílias e plantas superiores.....	26
5.4. Correlações genotípicas entre características	29
5.5. Diversidade genética entre acessos	30
6. DISCUSSÃO	31
7. CONCLUSÕES	39
8. REFERÊNCIAS	40

RESUMO

FREITAS, Ricardo Galvão de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Fevereiro de 2015. **Avaliação e seleção de genótipos de *Jatropha curcas* L.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Leonardo Lopes Bhering.

Jatropha curcas L. é uma das oleaginosas mais promissoras para a produção de biodiesel e bioquerosene. Por ser um cultivo perene ainda incipiente, a avaliação da produtividade é importante para o seu melhoramento genético. As estimativas de parâmetros genéticos são importantes para a caracterização da estrutura genética da população, para o entendimento genético dos caracteres e para a predição dos ganhos com seleção. O presente estudo avaliou o potencial de produtividade de 78 acessos (assumidos como famílias de meios irmãos) de *J. curcas*, com 48 e 60 meses, em dois anos de produção (2012/13 e 2013/14). O ensaio foi instalado em Araponga (latitude 20° 39' S, longitude 42° 32' W e altitude 823 m), MG, em quatro experimentos, todos em blocos casualizados com quatro repetições e parcelas de quatro plantas, utilizando o espaçamento 2x2m, e duas testemunhas comuns aos experimentos, totalizando 1376 plantas. Os caracteres avaliados foram produtividade de frutos (PF), de grãos (PG) e de óleo (PO), em kg.ha⁻¹, teor de óleo da semente (TO), em %, peso de 50 frutos (P50F) e 100 sementes (P100S), em g, comprimento (CF) e largura (LF) do fruto, e comprimento (CS) e largura (LS) da semente, em mm. Processou-se a estimação de parâmetros genéticos e a predição dos ganhos genéticos com a seleção de indivíduos e clones. Para as produtividades e teor de óleo, os resultados evidenciaram a existência de variabilidade genética entre as famílias e herdabilidades individuais de moderada a média magnitude, entre 0,19 e 0,51, adequadas para a seleção da principal característica a ser explorada, PO (0,50). Com base nos valores de repetibilidade (> 0,60) dos caracteres PG e PO, duas medições ou colheitas consecutivas são suficientes, uma vez que as famílias mantiveram seus desempenhos relativos ao longo dos dois anos. A seleção, pelo valor genotípico, das 20 plantas superiores quanto à produtividade de óleo proporcionou ganho médio de 162,7%, superior à seleção de plantas pelos valores genéticos aditivos (157%), indicando maiores possibilidades de sucesso com a implantação de plantios clonais.

ABSTRACT

FREITAS, Ricardo Galvão de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2015. **Evaluation and selection of *Jatropha curcas* L. genotypes.** Advisor: Luiz Antonio dos Santos Dias. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Leonardo Lopes Bhering.

Jatropha curcas L. is one of the most promising oilseed for the production of biodiesel and bio-kerosene. For being an incipient perennial crop, evaluating productivity is important for your breeding. Estimates of genetic parameters are important for the characterization of the genetic structure of the population to the genetic understanding of the characters and for the prediction of gains from selection. This study evaluated the 78 accessions productivity potential (assumed to families half-sib) of *J. curcas*, with 48 and 60 months, two years of production (2012/13 and 2013/14). The experiment was conducted in Araçuaia (latitude 20° 39 'S, longitude 42° 32' W and altitude 823 m), MG, in four trials, all randomized blocks with four replicates and four plants per plot, using the spacing 2x2m, and two common checks to the experiments, totaling 1376 plants. The characters evaluated were fruit yield (PF), grains (PG) and oil (PO), in kg ha⁻¹, seed oil content (TO), in%, weight of 50 fruits (P50F) and 100 seeds (P100S) in g, length (FL) and width (LF) of the fruit, and length (CS) and width (LS) seed, in mm. Was estimated genetic parameters and prediction of genetic gain with selection of individuals and clones. For the yield and oil content, the results showed the existence of genetic variability between individual families and heritability of moderate to medium magnitude, between 0.19 and 0.51, suitable for selecting the main feature to be explored, PO (0.50). Based on the repeatability values (> 0.60) for the PG and PO characteristics, two consecutive measurements or harvests are sufficient, since the families retained their relative performances throughout the two years. The selection by the genotypic value, the top 20 plants on the oil yield provided average gain of 162.7%, higher than the plant selection by additive genetic values (157%), indicating greater chances of success with the implementation of clonal plantations.

1. INTRODUÇÃO

Devido à demanda por energia limpa e renovável, os combustíveis líquidos de origem vegetal como o biodiesel e etanol têm ganhado destaque no cenário econômico mundial. A busca por energia alternativa aos combustíveis fósseis requer a avaliação de fontes renováveis que causem baixo impacto ambiental (MATOS et al., 2012). Para isso, é essencial o desenvolvimento de técnicas apropriadas e a definição das matérias-primas a serem usadas para geração dessa energia.

Em virtude de *Jatropha curcas* L. ter rendimento potencial de 5 t.ha⁻¹ de grãos, o que corresponde a 1,9 t.ha⁻¹ de óleo, cientistas e grandes corporações do setor energético têm elegido a espécie como uma das mais promissoras oleaginosas para a produção de biodiesel e bioquerosene. Governos e suas agências financiadoras têm disponibilizado recursos para pesquisa e incentivo de plantio em larga escala (DIAS et al., 2012). Este aumento do interesse por *J. curcas* tem criado demanda para o desenvolvimento de cultivares melhorados da espécie. No entanto, programas com *J. curcas* ainda são raros, se compararmos a outras culturas oleaginosas como soja, algodão, amendoim e girassol (FREITAS et al., 2011).

Não somente em *J. curcas*, mas também na maioria das espécies perenes, ao compararmos o lançamento de cultivares em relação às espécies anuais, verificamos que este período é mais longo e oneroso, pois exige maiores áreas experimentais e manejo durante o ano todo. Além disso, aspectos relacionados à genética e fisiologia das plantas perenes dificultam ainda mais o melhoramento, dentre eles: longo período juvenil e reprodutivo (a planta atinge sua maturidade entre quatro e cinco anos após o plantio), alternâncias entre baixas e altas produções (necessitando assim várias colheitas, no mesmo indivíduo, para tomada de decisão), redução do estande experimental a longo do tempo (gerando o desbalanceamento dos dados), sobreposição de gerações, seleção para efeitos aditivos e não aditivos (tendo em vista a possibilidade concomitante das propagações sexuada e assexuada), planta trimonóica (flores masculinas, femininas e hermafroditas na mesma planta) e maior importância na seleção individual. Certamente por isso ROCHA et al. (2012) acreditam que limitações técnicas como estas têm impedido a inserção plena da espécie na matriz energética brasileira. DIAS et al. (2007) relatam que outra dificuldade é a maturação desuniforme dos frutos e a baixa produtividade de grãos, que têm limitado a viabilidade econômica desse cultivo.

Para que um programa de melhoramento genético tenha sucesso é fundamental o estudo das estimativas dos parâmetros genéticos, da associação genética entre as principais

características e da variabilidade genética disponível. Com tais estudos se define o método de seleção mais adequado e as características passíveis de se obter ganho com a seleção.

São ainda limitados os estudos sobre parâmetros genéticos como variância, herdabilidade e coeficiente de variação genética em *J. curcas* e pouco comparáveis entre si, já que foram feitos com plantas de diferentes estádios de desenvolvimento. Ademais, a maioria deles é relativa a plantas juvenis, não tratando da produtividade de grãos e óleo em plantas adultas. Alguns desses estudos são encontrados em KAUSHIK et al. (2007), RAO et al. (2008), DAS et al. (2010), FREITAS et al. (2011), LAVIOLA et al. (2012), BHERING et al. (2013), SHABANIMOFRAD et al. (2013), MAURYA et al. (2013), TRIPATHI et al. (2013). ROCHA et al. (2012) também verificaram que são escassos os trabalhos que estimam componentes genéticos e ganho com a seleção, levando-se em consideração medidas repetidas e avaliação de plantas em idade produtiva.

Complementando as estimativas dos parâmetros genéticos, o conhecimento da associação entre caracteres é de extrema importância, principalmente se a seleção de um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de avaliação e identificação (CRUZ et al., 2012). A associação entre os caracteres de rendimento em *J. curcas* deve ser estudada pelos melhoristas, principalmente quando se trata de teor de óleo nas sementes, a característica foco no melhoramento da espécie para biodiesel. No entanto, poucos trabalhos envolvendo associações com esta característica têm sido encontrados (GINWAL et al., 2004; KAUSHIK et al., 2007; FREITAS et al., 2011; BIABANI et al., 2012; WANI et al., 2012; MAURYA et al., 2013; SHABANIMOFRAD et al., 2013; TRIPATHI et al., 2013).

O conhecimento sobre o grau de diversidade genética entre e dentro da população natural, dentro e fora do centro de origem, é necessário para que se tenha idéia sobre onde encontrar acessos potencialmente valiosos para o melhoramento (ACHTEN et al., 2010). DIAS et al. (2012) classificaram o México como o centro de origem e domesticação de *J. curcas*, concomitantemente, fato este confirmado posteriormente por MAGHULY & LAIMER (2013), VALDES-RODRIGUEZ et al. (2013) e PECINA-QUINTERO et al. (2014). Estes últimos ainda sugeriram o estado de Chiapas no México como o centro de origem. DIAS et al. (2012) desenvolveram sua hipótese de origem mexicana de *J. curcas* fundamentados na antiguidade dos conhecimentos sobre a espécie pelos povos Olmecas, os quais datam de 3500 a 5000 anos. Apoiados na existência de tipos não tóxicos, os quais só existem naquele país, e em estudos de DNA, DIAS et al. (2012) também elaboraram a hipótese de domesticação mexicana da espécie.

Trabalhos visando avaliar a diversidade genética e fenotípica em *J. curcas* têm sido realizados na Índia (KAUSHIK et al., 2007; RAO et al., 2008; DAS et al., 2010; WANI et al., 2012; MAURYA et al., 2013), China (SUN et al., 2008), Brasil (LAVIOLA et al., 2010; FREITAS et al., 2011; DIAS et al., 2012; ROCHA et al., 2012; BRASILEIRO et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2013), México (OVANDO-MEDINA et al., 2011; FRESNEDO-RAMÍREZ & OROZCO-RAMÍREZ, 2013) e Malásia (BIABANI et al., 2012; SHABANIMOFRAD et al., 2013; OSORIO et al., 2014).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Biocombustíveis

Com a crise do petróleo na década de 1970, surgiu a valorização da biomassa como insumo energético moderno, passando a ser considerada como alternativa viável para atendimento às demandas por energia térmica e de centrais elétricas de pequeno e médio porte. Entretanto, a partir de 1985, os preços do petróleo voltaram a despencar, diminuindo novamente o interesse em energias alternativas. Mais tarde, na década de 1990, a biomassa voltou a ganhar destaque no cenário energético mundial devido ao desenvolvimento de tecnologias mais avançadas de transformação, à ameaça de esgotamento das reservas de combustíveis fósseis e a incorporação definitiva da temática ambiental nas discussões sobre desenvolvimento sustentável. Outro marco determinante foi a assinatura do Protocolo de Quioto em 1997, em que ficou estabelecido que os países desenvolvidos deveriam promover reduções significativas nas emissões de gases de efeito estufa, indicando que a participação de energias renováveis tenderá a ocupar um lugar de destaque na matriz energética mundial (NOGUEIRA et al., 2000; BARROS & VASCONCELOS, 2001).

As mudanças climáticas globais, por sua vez, exigem um esforço conjunto dos países no sentido de reduzirem suas emissões de gases de efeito estufa, principalmente gás carbônico e metano. Um bom caminho para se enfrentar todos esses desafios tem sido investir em energias alternativas, como a eólica, a nuclear e da biomassa (DIAS et al., 2009; RIBEIRO et al., 2011).

De acordo com a ANP (2014), biocombustíveis são derivados de biomassa renovável que podem substituir, parcial ou totalmente, combustíveis derivados de petróleo e gás natural em motores a combustão ou em outro tipo de geração de energia. Os biocombustíveis poluem menos por emitirem menos compostos do que os combustíveis fósseis no processo de combustão dos motores, e também porque seu processo de produção tende a ser mais limpo.

Existem vários tipos de biocombustíveis, todavia, os dois principais biocombustíveis líquidos usados no Brasil são o etanol, produzido a partir de cana-de-açúcar e, em escala crescente, o biodiesel, que é produzido a partir de óleos vegetais ou de gorduras animais e adicionado ao diesel de petróleo em proporções variáveis, hoje biodiesel B7.

Cerca de 45% da energia e 18% dos combustíveis consumidos no Brasil já são renováveis. No resto do mundo, 86% da energia vem de fontes energéticas não-renováveis. Pioneiro mundial no uso de biocombustíveis, o Brasil alcançou uma posição almejada por muitos países que buscam fontes renováveis de energia como alternativas estratégicas ao petróleo (ANP, 2014).

DIAS et al. (2009) destacam que esta nova modalidade de energia pode ser explorada por boa parte dos países do globo, em especial por aqueles da faixa intertropical, sendo que o Brasil é quem oferece as maiores oportunidades neste setor.

2.2. Biodiesel no Brasil

O Brasil apresenta um grande potencial para produção de biocombustíveis em grande parte de sua extensão territorial, em função de suas características edafoclimáticas, biodiversidade (várias espécies potenciais para produção de biocombustíveis adaptadas a diferentes climas e biomas), disponibilidade de área e de mão-de-obra, bem como comprovada competência técnica no campo da ciência agrícola (DIAS et al., 2008).

O Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel (PNPB) é um programa interministerial do Governo Federal que objetiva a implementação de forma sustentável, tanto técnica, como economicamente, da produção e uso do Biodiesel, com foco na inclusão social e no desenvolvimento regional, via geração de emprego e renda. De acordo com o PNPB, biodiesel é o biocombustível derivado de biomassa renovável para uso em motores a combustão interna com ignição por compressão ou, conforme regulamento, para outro tipo de geração de energia, que possa substituir parcial ou totalmente combustíveis de origem fóssil. Assim, há amplas possibilidades de uso do biodiesel em transportes urbanos, rodoviários, ferroviários e aquaviários de passageiros e cargas, geradores de energia, motores estacionários, etc (PNPB, 2014).

Ao lançar o PNPB, em 06/12/2004, o Governo Federal apoiou-se na crescente demanda por combustíveis de fontes renováveis e no potencial brasileiro para atender parte expressiva dessas necessidades, gerando empregos e renda na agricultura familiar, reduzindo disparidades regionais contribuindo para a economia de divisas e melhoria das condições ambientais. Em 13 de janeiro de 2005 foi publicada a Lei 11.097, que dispõe sobre a

introdução do biodiesel na matriz energética brasileira, altera leis afins e dá outras providências. No século XVIII, a fonte de energia predominante foi o carvão, seguido pelo petróleo nos séculos seguintes. Há grande consenso entre analistas, de que o século XXI será da agroenergia (PNPB, 2014).

DIAS et al. (2008) argumentam que o país é detentor da melhor tecnologia agrícola do mundo tropical e da maior área agricultável, algo como cerca de 350 milhões de hectares, já aberta, permitindo assim a preservação das florestas nativas remanescentes. Além disso, as exigências para cultivo de plantas são perfeitamente atendidas pelas condições brasileiras, pois o país possui água e luz solar em abundância. Por último, argumenta que o Brasil tem grande oferta de mão de obra para alavancar a produção no campo, riqueza de espécies vegetais das quais se podem extrair bioetanol, biodiesel e bioquerosene, e tradição em geração de energia limpa. Todas essas condições reunidas já colocaram o Brasil na liderança da produção mundial de agroenergia, notadamente de agrocombustíveis.

Pelas suas condições de solo e clima, o Brasil tem grande potencial de produção de biomassa. A agregação de valor à produção primária representa importante vantagem comparativa para o Brasil. O biodiesel é uma dessas possibilidades, talvez a mais promissora, porque a demanda de energia vai aumentar, enquanto a economia mundial estiver crescendo. Isso implica dizer que a demanda por agroenergia não pára de crescer, ao contrário do que ocorre com a maioria dos produtos do agronegócio. Nesse contexto, o Governo vislumbrou a possibilidade de engajar agricultores familiares e produtores de regiões mais pobres do país na cadeia produtiva do biodiesel. Isso foi feito mediante estímulos tributários às empresas que adquirem oleaginosas produzidas por esses segmentos. Para inserir essa estratégia numa lógica de mercado, a mistura do biodiesel ao diesel de petróleo, em proporções crescentes nos próximos anos, foi tornada obrigatória por força de lei (PNPB, 2014).

Atualmente, as principais matérias-primas utilizadas para a produção do biodiesel no Brasil são a soja, a gordura bovina e o algodão, com contribuição de aproximadamente 73,7%, 20,2% e 4,0% respectivamente, sendo os outros materiais graxos responsáveis por 1,9% da produção (ANP, 2014). No entanto, DIAS et al. (2009) relatam que essa forte concentração em uma matéria-prima cria dificuldades, dado que na cadeia de produção da soja predominam os grandes produtores e as grandes empresas. Como no etanol da cana-de-açúcar, o agricultor familiar se encontra pouco inserido na cadeia de produção do biodiesel, em que pese o mecanismo do Selo Combustível Social. Tal mecanismo estimula as refinarias a adquirirem matéria-prima da agricultura familiar, em percentuais mínimos que variam entre regiões, para habilitarem-se aos leilões de compra de biodiesel. Estes mesmos autores

argumentam ainda que a soja é a oleaginosa-chave para o sucesso do PNPB, desde que sua contribuição seja mantida na faixa de 64-68%, e não 73%, como hoje, ou 84%, como no passado recente. Reduzir a contribuição da soja implica em ampliar a contribuição de outras matérias-primas que podem ser produzidas pela agricultura familiar, a exemplo de *J. curcas* e macaúba (*Acrocomia aculeata*), além de outras espécies oleaginosas igualmente perenes que forem sendo validadas pelas pesquisas. Resta lembrar que a situação ideal é que as diversas regiões brasileiras optem pela espécie oleaginosa mais adequada e adaptada, de modo a diversificar as matérias-primas regionais.

2.2.1. Importância econômica

Até o início do século XX, a agricultura proporcionava alimentos, fibras têxteis e madeira. Agora, ela vem se destacando também como ofertante de energia de biomassa, também chamada agroenergia. A agroenergia abre uma nova janela de oportunidade para um setor gigante, mas que parecia nada mais ter a oferecer. Segundo Roberto Rodrigues, o consumo mundial de agroprodutos movimentava 750 bilhões de dólares. Este comércio é metade daquele dos petroprodutos. Suponhamos então um cenário de substituição de 10% dos petroprodutos por agroprodutos energéticos. Isso injetaria 150 bilhões de dólares no agronegócio mundial, ou seja, um incremento de 20%. Esse simples exercício de cenário expressa toda a potencialidade da agroenergia (DIAS et al., 2009).

Desde 1^o de novembro de 2014, o óleo diesel comercializado em todo o Brasil contém 7% de biodiesel. Esta regra foi estabelecida pelo Conselho Nacional de Política Energética (CNPE), que aumentou de 5% para 7% o percentual obrigatório de mistura de biodiesel ao óleo diesel. A contínua elevação do percentual de adição de biodiesel ao diesel demonstra o sucesso do Programa Nacional de Produção e Uso do Biodiesel e da experiência acumulada pelo Brasil na produção e no uso em larga escala de biocombustíveis (ANP, 2014). Estudos desenvolvidos pelo Ministério do Desenvolvimento Agrário, Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Integração Nacional e Cidades mostram que, a cada 1% de participação da agricultura familiar no mercado de biodiesel do país, baseado no uso do B5, seria possível gerar cerca de 45 mil empregos no campo, a um custo médio de, aproximadamente, R\$ 4.900,00 por emprego (HOLANDA, 2004). Admitindo-se que, para cada emprego no campo são gerados três na cidade, seriam criados 135 mil empregos na cidade, totalizando 180 mil empregos. Finalmente, é importante destacar que na agricultura empresarial emprega-se, em média, um trabalhador para cada 100 hectares cultivados, enquanto na agricultura familiar a relação é de 10 hectares por trabalhador (BRASIL, 2006). O Brasil está entre os maiores

produtores e consumidores de biodiesel do mundo, com uma produção anual, em 2013, de 2,9 bilhões de litros e uma capacidade instalada, no mesmo ano, para cerca de 7,9 bilhões de litros (ANP, 2014).

2.3. Espécies vegetais com potencial para produção de biodiesel

No Brasil, as alternativas para a produção de óleos vegetais são diversas, o que constitui num dos muitos diferenciais para a estruturação do PNPB no País. Por se tratar de um País tropical, com dimensões continentais, o desafio colocado é o do aproveitamento das potencialidades regionais. Isso é válido tanto para culturas já tradicionais, como a soja, o amendoim, o girassol, a mamona e o dendê, quanto para alternativas novas, como *J. curcas*, nabo forrageiro, pequi, buriti, macaúba e uma grande variedade de oleaginosas a serem exploradas (BRASIL, 2006).

Convém ressaltar que enquanto o biodiesel alemão (Alemanha é o maior produtor de biodiesel do mundo) é produzido exclusivamente da canola (*Brassica napus* L.), o brasileiro pode ser produzido por mais de uma dezena de espécies oleaginosas e ainda respeitando as aptidões regionais. Assim, por exemplo, na região Norte do Brasil, o dendê (*Elais oleifera*) é a oleaginosa mais adequada. No Nordeste destacam-se o babaçu (*Orbignya phalerata*), a mamona (*Ricinus communis* L.) e *J. curcas*. No Sudeste, macaúba (*Acrocomia aculeata*), *J. curcas*, algodão (*Gossypium hirsutum* L.), amendoim (*Arachis hypogaea* L.) e girassol (*Helianthus annuus*) são, no momento, as mais adequadas. No Centro-Oeste, os destaques são a soja (*Glycine max*), o algodão e *J. curcas*. Para o Sul, as opções são a soja, o girassol, o algodão e o tungue (*Aleurites fordii*). Essa riqueza de matérias-primas é o grande diferencial do programa brasileiro de biodiesel e deve receber toda a atenção da política nacional de agrocombustíveis (DIAS et al., 2009).

2.4. *Jatropha curcas* L.

Atualmente, existem diversos trabalhos de pesquisas com *J. curcas*. Entretanto, o melhoramento desta espécie é ainda incipiente e causa preocupação aos pesquisadores. Existe ainda necessidade de maior conhecimento e pesquisas a respeito, por exemplo, da diversidade genética, centros de origem, sistema de cruzamento e fluxo gênico, agentes polinizadores e sistema de polinização, controle de pragas e doenças, manejo cultural e, principalmente, estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento, produção e teor de óleo. É ainda uma espécie silvestre se comparada à soja, girassol, algodão e milho.

O gênero *Jatropha* possui 170 espécies conhecidas, dentre elas *Jatropha curcas* L., que tradicionalmente é cultivada como fonte de matéria-prima para a produção de fármacos, combustível para lamparinas e sabões. É considerada uma planta tóxica, tanto para humanos quanto para animais (HELLER, 1996). Historicamente, *J. curcas* tem sido cultivada como cerca viva em diversos países da África, bem como no Brasil, visando à proteção de cultivos agrícolas. É uma euforbiácea arbustiva de crescimento rápido. É espontânea em áreas de solos pouco férteis e de clima desfavorável à maioria das culturas alimentares tradicionais. Pode ser considerada uma das mais promissoras oleaginosas para produção de biodiesel em diversas regiões do Brasil e do mundo. No Brasil, há expectativa de plantio em larga escala nas próximas décadas (DIAS et al., 2007; JONGSCHAAP et al., 2007; TOMINAGA et al., 2007).

Dentre as vantagens da *J. curcas* para cultivo estão o seu longo ciclo produtivo, podendo chegar a 40 anos, e sua produtividade potencial de 2 t/ha de óleo. Por ser perene, também contribui para a conservação do solo e reduz o custo de produção, fator importante para sua viabilidade econômica para a agricultura familiar. Outra vantagem é possuir óleo de qualidade para biodiesel e bioquerosene, em alto teor nas sementes (média de 38%), e ser adequado ao consórcio com outros cultivos (DIAS et al., 2007). Além disso, contribui para o aumento da área reflorestada e do sequestro de carbono, reduzindo o efeito estufa.

J. curcas ocorre em altitudes que variam desde o nível do mar até 1.000 metros. Desenvolve-se bem em áreas com precipitações que variam de 480 mm a 2380 mm médios anuais e com temperaturas médias anuais variando entre 18 e 28 °C (PEIXOTO, 1973; SATURNINO et al., 2005). Quando plantado no princípio da estação chuvosa, inicia a produção de frutos já no primeiro ano de cultivo, embora atinja o seu clímax produtivo a partir do quarto ano, com capacidade produtiva potencial por mais de 40 anos. De acordo com informações mais atuais, a planta produz, em média, 100, 500, 2.000 e 4.000 g planta⁻¹ de sementes no primeiro, segundo, terceiro e quarto anos de cultivo, respectivamente (TOMINAGA et al., 2007). Dependendo do espaçamento, a produtividade pode passar dos 6.000 kg ha⁻¹ de sementes. Com essa produtividade, é possível produzir mais de 2.000 kg ha⁻¹ de óleo. No entanto, com o melhoramento genético e aprimoramento do sistema de produção, acredita-se que possa produzir acima de 4.000 kg ha⁻¹ de óleo (LAVIOLA & DIAS, 2008). Para WANI et al. (2006), *J. curcas* atinge a estabilidade de produção no quinto ano, com produtividade em plantio de sequeiro em torno de 700 a 1500 kg ha⁻¹ de semente e em plantio irrigado de 1500 a 2500 kg ha⁻¹.

MISHRA (2009) relata que a variação do teor de óleo e da produção de sementes pode ser atribuída a diversos fatores, como genótipo, precipitação e fertilidade do solo. A

produtividade *J. curcas* depende da disponibilidade dos minerais do solo, principalmente nitrogênio. A planta cresce em áreas marginais, mas seu rendimento será relativamente baixo quando comparado aquele feito em solo fértil. A escolha dos melhores genótipos para locais distintos pode melhorar a produção de grãos, mas sem insumos adequados, a produtividade tenderá a ser baixa em áreas marginais.

A toxidez de *J. curcas* está relacionada à presença de fatores antinutricionais tais como a curcina (uma proteína inativadora de ribossomos que age como irritante da mucosa gastrointestinal e tem ação hemaglutinante); inibidores de tripsina (enzima necessária à boa digestão das proteínas); fitatos (classe de compostos de ocorrência natural formados durante o processo de maturação de sementes e grãos) e os ésteres de forbol. Com exceção dos ésteres de forbol, os demais agentes antinutricionais citados são destruídos pelo calor durante o processo de extração do óleo. Os ésteres de forbol são os principais componentes tóxicos presentes em *J. curcas* e são derivados de diterpenos tetracíclicos, restritos às famílias Euphorbiaceae e Thymelaceae. Tais ésteres possuem atividades promotoras de tumor e inflamações (MARQUES & FERRARI, 2008).

Para MISHRA (2009), apesar de o combustível fóssil ter um importante impacto no aquecimento global, o que torna o biodiesel uma importante alternativa, os usos alternativos da terra também devem ser considerados, especialmente para fornecer alimentos para uma população crescente. Assim, neste cenário, *J. curcas* leva vantagem em relação a outras oleaginosas, uma vez que pode ser plantado para recuperação de áreas degradadas, áreas marginais e de baixa fertilidade, e em regiões de baixa precipitação. Além disso, seu plantio pode ser feito em sistema similar ao cultivo mínimo, dispensando aração e gradagem, em consórcio com outras culturas e com a pecuária, o que faz dele um cultivo adequado a agricultura familiar.

MACEDO (2000) cita que, dentre os benefícios alcançados com a introdução de árvores ou arbustos em áreas com pastagens cultivadas, cabe destacar a proteção do solo contra a erosão, conservação da água, manutenção do ciclo hidrológico, melhoramento das características físicas e químicas do solo, além de benefícios socioeconômicos, tais como diversificação da produção e da renda, redução da sazonalidade da demanda por mão-de-obra no campo, etc. Neste contexto, DIAS et al. (2008) relatam a possibilidade de implantação de sistemas silvipastoris, em que o componente arbóreo-arbustivo seja constituído por espécies oleaginosas. É uma opção viável que, além de contribuir para evitar a degradação das pastagens, garantindo e viabilizando a produção animal, irá proporcionar, concomitante, a

produção de matéria-prima para a indústria de óleos vegetais, com particular interesse para a produção de biocombustíveis.

2.4.1. Centro de origem

HELLER (1996) relata que *J. curcas* é nativa da América tropical, mas é encontrado em abundância em áreas tropicais e subtropicais na África e Ásia, supostamente distribuída por navegantes portugueses pelas ilhas de Cabo Verde e Guiné-Bissau.

ARRUDA et al. (2004) apontam que *J. curcas* é provavelmente originário do Brasil, tendo sido introduzida por navegadores portugueses nas ilhas do Arquipélago Cabo Verde e Guiné, de onde foi disseminado pelo continente Africano. MISHRA (2009), RAO et al. (2008) e GINWAL et al. (2005) alegam que *J. curcas* é tropical, nativa do México e América Central, sendo também cultivada em muitos outros países latino-americanos, asiáticos e africanos. BASHA et al. (2009) incluem as América do Sul e Central como centros de origem da espécie e também relatam sua presença em toda a América Central, África e Ásia.

Para PEIXOTO (1973) e FRANCIS et al. (2005) a distribuição geográfica de *J. curcas* é bastante vasta devido à sua rusticidade, resistência à seca, fácil propagação, alto teor de óleo, sementes de baixo custo, curto período de germinação, rápido crescimento, adaptável a várias condições edafoclimáticas, natureza arbustiva e múltiplos usos de diferentes partes da planta.

O conhecimento do centro de origem da *J. curcas* é de extrema importância para a composição de um banco de germoplasma com material genético útil para o trabalho dos melhoristas. Desse modo, DIAS et al. (2012) sugeriram que o centro de origem e o centro de domesticação de *J. curcas* é o México. Evidências da antiguidade do conhecimento de *J. curcas* por povos Olmeca, que viveram 3500-5000 anos, reforça a sua origem mexicana. A existência de tipos não-tóxicos, que só existem naquele país, juntamente com estudos de DNA, também sugerem fortemente que o México é o centro de domesticação da espécie. De fato, PECINA-QUINTERO et al. (2014) demonstraram que o México detém grande diversidade genética de *J. curcas*, principalmente no estado de Chiapas, onde seu germoplasma possui características especiais não partilhadas com outros genótipos encontrados no resto do país. No entanto, o germoplasma mais domesticado é encontrado fora de Chiapas, sugerindo que os centros de origem e domesticação estão em estados diferentes. Para PECINA-QUINTERO et al. (2014), Chiapas é o centro de origem mais provável, enquanto que os estados que estão mais próximos da bacia do Golfo do México, como

Veracruz, Puebla, Hidalgo e Yucatan, são os locais prováveis de domesticação, uma vez que apresentam indivíduos com ausência ou baixo teor de ésteres de forbol.

2.4.2. Descrição botânica

J. curcas (Figura 1) é uma espécie perene e monóica, alógama, pertencente à família Euforbiácea, a mesma da mamona, mandioca e seringueira. É um arbusto de crescimento rápido, caducifólio, que pode atingir mais de 5 m de altura. O caule é liso de lenho mole. Possui raízes curtas e pouco ramificadas. O tronco é dividido desde a base, em compridos ramos (DIAS et al., 2007; JONGSCHAAP et al., 2007; TOMINAGA et al., 2007).



Figura 1. Árvore de *Jatropha curcas* L.

As folhas são verdes e brilhantes, largas e alternadas, em forma de palma, com três a cinco lóbulos e pecioladas, com nervuras esbranquiçadas e salientes na face inferior (Figura 2). É uma planta caducifólia - as folhas caem em parte ou totalmente quando termina a estação chuvosa ou durante a estação fria, quando entra em um período de repouso. Neste estado, a planta permanece até o começo da primavera ou da estação chuvosa. O término do repouso vegetativo é demonstrado com o rápido surgimento dos brotos no ápice dos galhos do ano. Na ocasião do surgimento dos brotos surgem também as inflorescências (DIAS et al., 2007; JONGSCHAAP et al., 2007; TOMINAGA et al., 2007).



Figura 2. Folhas de *Jatropha curcas* L.

A planta é monóica, com flores masculinas e femininas na mesma inflorescência e eventualmente com presença de flores hermafroditas (Figura 3). As flores masculinas surgem em maior número, nas extremidades das ramificações, e as femininas nas bases delas. A abertura das flores femininas, na mesma inflorescência, ocorre em dias diferentes. Após a abertura da primeira flor, as outras abrirão diariamente durante cerca de 11 dias consecutivos. A polinização é por insetos (abelhas, formigas, trips e moscas). Sob condições climáticas de Minas Gerais a floração de *J. curcas* ocorre após o período de seca. Em consequência, o pico da colheita dos frutos ocorre de fevereiro a abril, ou, até junho, quando o período chuvoso é mais prolongado. Da flor ao fruto maduro são decorridos cerca de 60 dias (DIAS et al., 2007; JONGSCHAAP et al., 2007; TOMINAGA et al., 2007).



Figura 3. Inflorescências de *Jatropha curcas* L.

O fruto é capsular, ovóide, com 1,5 a 3,0 cm de diâmetro, trilocular, formado por um pericarpo ou casca dura e lenhosa, contendo três sementes, sendo uma por lóculo (Figura 4). A maturação não é uniforme, observando-se em um mesmo cacho frutos verdes, amarelos quando maduros, castanhos e por fim pretos. No geral, 53 a 62% do peso do fruto é

representado pelas sementes e 38 a 47% pela casca. O peso dos frutos varia de 1,5 a 3,0 g (DIAS et al., 2007; JONGSCHAAP et al., 2007; TOMINAGA et al., 2007).



Figura 4. Frutos de *Jatropha curcas* L.

A semente é relativamente grande, e quando seca mede entre 1,5 a 2,0 cm de comprimento e 1,0 a 1,3 cm de largura (Figura 5). Seu peso varia de 0,5 a 0,8 g e apresenta teor de óleo variando de 33 a 38%. Em sua constituição, de fora para dentro, há o tegumento rijo e a película branca cobrindo a amêndoa. A amêndoa contém albúmen ou endosperma que é abundante, branco, oleaginoso e o embrião, constituído do eixo embrionário e de dois largos cotilédones achatados e foliáceos (SATURNINO et al., 2005; HELLER, 1996; DIAS et al., 2007). De acordo com PEIXOTO (1973), a semente apresenta em média as proporções de 45% de casca e 55% de amêndoa.



Figura 5. Sementes de *Jatropha curcas* L.

2.4.3. Melhoramento genético

A existência de ampla variabilidade genética é importante em um programa de melhoramento, pois, a partir dela, se pode selecionar genótipos divergentes para produção de linhagens e a partir das linhagens obter os híbridos. Outra maneira é selecionar genótipos

divergentes, possivelmente com alta média de teor de óleo, para produção direta dos cultivares por clonagem.

HELLER (1996) descreve que a chave para o sucesso de todo programa de melhoramento genético é uma adequada variabilidade genética e a avaliação de acessos divergentes com características desejáveis tais como alta produtividade de sementes, alta taxa de flor feminina em relação à flor masculina, porte reduzido, resistência a pragas e doenças, uniformidade e precocidade de maturação, resistência/tolerância à seca, e, principalmente, alto teor e melhoramento das propriedades químicas e físicas do óleo. Por isso é muito importante o levantamento de informações quanto à diversidade do germoplasma disponível para o estabelecimento de coleções com variação genética representativa.

De acordo com RAO et al. (2008) o próprio fato de *J. curcas* ter se adaptado a uma ampla gama de condições edáficas e climáticas sugere que existe uma quantidade considerável de variabilidade genética a ser explorada nos programas de melhoramento da espécie. Alguns trabalhos têm desenvolvido estudos relacionados com a diversidade genética de *J. curcas*, tanto na área molecular, quanto na fenotípica. Os materiais necessitam estar caracterizados e avaliados para que forneçam subsídios para os programas de melhoramento genético da espécie, permitindo melhor aproveitamento da variabilidade genética de acordo com a sua finalidade.

Alguns trabalhos demonstram baixa variabilidade genética e fenotípica em acessos da África e Ásia (BASHA & SAJUTHA, 2007; SUN et al., 2008) o que confere a necessidade de introdução de novas fontes de variação genética, oriundos da América Latina, centro de origem da espécie (DIAS et al., 2012; PECINA-QUINTERO et al., 2014), para serem usados nos programas de melhoramento genético. Estudos quantificando a variabilidade genética da *J. curcas* também estão sendo realizados com acessos provenientes de Índia (WANI et al., 2006; KAUSHIK et al., 2007; RAO et al., 2008; RAM et al., 2008; TATIKONDA et al., 2009), África, México, Madagascar (BASHA et al., 2009), China e Malásia (SUN et al., 2008). No Brasil, vários bancos ativos de germoplasma (BAG) de *J. curcas* já foram implantados. A Embrapa Algodão, em Patos, PB, possui 103 acessos de diferentes procedências do Brasil (Pernambuco, Tocantins, Paraíba, Ceará), El Salvador, Colômbia e África (SILVA et al., 2008). A Embrapa Rondônia, em Porto Velho, detém 236 acessos (SPINELLI et al., 2010) e a Embrapa Cerrados, de Planaltina, DF, conta com 110 acessos (LAVIOLA et al., 2010). Merece destaque o BAG do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, que contempla 78 acessos (já avaliados) com a

mais ampla variabilidade já relatada para diversos caracteres juvenis e teor de óleo (FREITAS et al., 2011).

A estimação de parâmetros genéticos é uma ferramenta valiosa na seleção, pois permite conhecer a estrutura e o potencial genético da população em estudo e dá suporte técnico para selecionar os indivíduos eficientemente (RAMALHO et al., 2008), sem custo adicional aos programas de melhoramento. RESENDE (2002) relacionou os principais parâmetros genéticos populacionais essenciais à aplicação da genética quantitativa no melhoramento, dentre eles: coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, coeficientes de variação genética e relativa, ganho genético esperado com a seleção e repetibilidade.

Estimativas da herdabilidade obtidas por diferentes pesquisadores e condições experimentais deverão ser comparadas com muito cuidado, pois alguns fatores influenciam estas estimativas, tais como o tamanho de parcela, a densidade populacional, o tamanho das amostras, bem como diferenças populacionais e ambientais (RAMALHO et al., 2008). Qualquer generalização poderá resultar em interpretações errôneas. Experimentos com a finalidade de estimar herdabilidades devem ser conduzidos em ambiente semelhante aos quais as estimativas serão aplicadas, assim a interação genótipos x ambientes não inflacionará a variância genética. A herdabilidade pode ser classificada em sentido amplo ou restrito, estando no numerador a diferença entre ambas. No sentido amplo, todos os componentes da variância genotípica estão contemplados e no sentido restrito apenas a variância genética aditiva está presente no numerador. Uma das contribuições relevantes deste parâmetro é prever o ganho genético obtido pela seleção (ALLARD, 1971; FALCONER & MACKAY, 1996).

De acordo com FALCONER & MACKAY (1996), nem sempre um alto valor de herdabilidade é indicação de ganhos genéticos elevados, pois altas herdabilidades podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena. O importante na avaliação da herdabilidade, como indicativo da predição, é saber quanto do diferencial de seleção se espera reter, em virtude da seleção, na geração seguinte. Assim, para os caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrito, associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho com a seleção.

Alguns caracteres, como a produtividade, apresentam baixa herdabilidade em função do grande número de genes que a governam. Isto pode ser atribuído ao comportamento

puramente quantitativo deste caráter, permitindo maior influência ambiental, ou seja, uma diminuição da relação entre a variância genética e a fenotípica.

A estimativa do ganho genético, ou o progresso genético, serve para aferir a eficiência dos métodos de seleção que estão sendo empregados. Caso estes métodos não estejam propiciando os resultados esperados, o melhorista poderá replanejar as estratégias seletivas subsequentes. Este parâmetro é sem dúvida uma das aplicações mais importantes da genética quantitativa no fitomelhoramento (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). De forma geral, o ganho genético mede o aprimoramento da geração selecionada em relação à população anterior. Se o objetivo do programa for o desenvolvimento de cultivares propagadas sexuadamente, a média da população melhorada equivalerá à média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados. Caso o objetivo seja cultivares clonais esta média equivalerá à média dos valores genotípicos totais (RESENDE, 2002).

Na seleção clonal, toda a variabilidade genética (aditiva, dominante e epistática) presente na população é explorada. O genótipo selecionado terá a mesma constituição genética da planta mãe, pois ele é herdado integralmente. O processo inicia-se com a seleção de plantas numa população-base, desenvolvida ou introduzida pelo melhorista; classificação dos melhores genótipos e clonagem deles; estabelecimento de experimentos seguindo delineamentos estatísticos apropriados para as avaliações e seleções de plantas promitentes; testes de compatibilidade genética entre os clones; ensaios regionais e lançamento da cultivar clonal (FERRÃO et al., 2007).

SOUZA-JÚNIOR (2001) recomenda que as seleções sejam feitas de forma sequencial ou em etapas. Numa primeira etapa tem-se a população, geralmente constituída por plantas provenientes de sementes, onde é feita uma seleção fenotípica individual e as selecionadas são clonadas para passar à segunda fase; nessa primeira etapa é comum ter-se muitos genótipos e poucos propágulos (estacas) por genótipo, o que dificulta o uso de um delineamento experimental. Na segunda etapa, com um menor número de genótipos e maior número de propágulos por genótipo, o uso de delineamento já é possível. Após as avaliações e análises as plantas selecionadas são novamente clonadas e passa-se para a fase seguinte, que poderá ser ou não a última, conforme o planejamento do programa e a experiência do melhorista com a cultura. Nessa nova etapa, o experimento poderá ser instalado em outros locais. Além disso, uma menor intensidade de seleção deverá ser utilizada, principalmente se o caráter sob seleção possuir baixa herdabilidade. Numa última fase, as plantas selecionadas anteriormente são novamente clonadas para realizar os ensaios regionais (SOUZA JÚNIOR, 2001). A fim de

otimizar o programa, durante o processo, alguns ajustes poderão ser feitos entre as etapas, até acrescentando novas fases, conforme a percepção do melhorista.

Várias são as vantagens da clonagem listadas por FERRÃO et al. (2007), dentre elas:

- capitaliza de forma rápida os ganhos genéticos e a fixação dos alelos favoráveis;
- fixa o genótipo a qualquer tempo, sem a necessidade de avançar muitas gerações para atingir a homozigose;
- permite o surgimento da variabilidade genética já na primeira geração após as hibridações, pois os clones genitores são heterozigóticos, possibilitando efetuar a seleção em F₁;
- as plantas apresentam grande vigor vegetativo por manter a heteroziguidade;
- os descendentes são uniformes;
- menor tempo para desenvolver uma cultivar clonal, em torno de 25 anos para café conilon (o café arábica pode chegar até 40 anos).

O maior interesse inicial do melhorista de plantas está no valor genotípico do indivíduo, para posterior ordenação e seleção dos melhores. Não interessa, neste sentido, estimar ou prever a média fenotípica, pois esta nunca se repetirá quando estes indivíduos forem plantados novamente (RESENDE, 2007a; RESENDE & DUARTE, 2007). RESENDE (2002) sugere que o BLUP deve ser o método seletivo escolhido, pois ele maximiza a acurácia seletiva, minimiza a diferença entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros, maximiza a probabilidade de selecionar o melhor entre dois indivíduos quaisquer, ou o melhor entre vários indivíduos, e maximiza o ganho genético esperado por ciclo de seleção. REZENDE & DUARTE (2007) consideram ainda que o BLUP permite o uso simultâneo de várias fontes de informação tais como aquelas advindas de experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias colheitas; considera o desbalanceamento; usa todos os efeitos do modelo; utiliza o parentesco genético entre indivíduos sob avaliação; e considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação.

O programa de melhoramento de *J. curcas* da UFV teve início em dezembro de 2008 com a implementação do banco ativo de germoplasma (BAG) e do teste de progênie (TP), ambos no campo experimental de Araçuaia, MG.

O BAG possui 78 acessos (assumidas famílias de meios irmãos), 75 delas coletadas em diferentes regiões brasileiras e três oriundas do Camboja. Os acessos foram coletados por estudantes do programa durante algumas viagens para coleta de sementes e outros acessos foram enviados por pesquisadores colaboradores do programa. O BAG é composto de quatro experimentos, todos em blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de quatro

plantas, utilizando o espaçamento 2x2m, e com duas testemunhas comuns, totalizando 1376 plantas.

O TP possui 121 famílias, assumidas meias-irmãs, e uma testemunha de polinização aberta. O delineamento experimental utilizado foi o Látice 11 x 11, no espaçamento 2 x 2 m, com três repetições e quatro plantas por parcela, totalizando 1452 plantas. As famílias foram selecionadas fenotipicamente, com base no porte, sanidade e carga de frutos, em uma plantação comercial de seis mil plantas, no município de Viçosa, MG. A testemunha constitui-se do material mais plantado à época. As sementes que originaram essas matrizes foram adquiridas do pioneiro produtor Nagashi Tominaga, que produziu e distribuiu sementes delas em todo o Brasil.

Diversos artigos e teses tem sido publicados após a implementação destes ensaios, contribuindo assim, para o melhoramento da espécie.

3. OBJETIVOS

O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético dos acessos de *Jatropha curcas* L. e promover a seleção das melhores plantas através do valor genético aditivo e valor genotípico. Para tanto avaliou-se a diversidade existente, estimaram-se os parâmetros genéticos e verificou-se a existência de correlação entre os caracteres avaliados.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Em novembro de 2008 foi implantado no Campo Experimental da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Araçuaia (latitude 20° 39' S, longitude 42° 32' W e altitude 823 m), MG, o banco ativo de germoplasma (BAG) de *J. curcas* com 78 acessos (assumidas famílias de meios irmãos), 75 delas coletadas em diferentes regiões brasileiras e três oriundas do Camboja (Tabela 1). O BAG é composto de quatro experimentos, todos em blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de quatro plantas, utilizando o espaçamento 2x2m, e com duas testemunhas comuns, totalizando 1376 plantas. Essa estratégia possibilitou a implantação de todos os 78 acessos em ensaios experimentalmente mais precisos, modulares, de fácil manejo e comparáveis entre si. Os experimentos 1, 2, 3 e 4 são compostos pelos acessos de UFVJC 1 a 20, UFVJC 21 a 40, UFVJC 41 a 60 e UFVJC 61 a 78, respectivamente, além das duas testemunhas comuns aos quatro ensaios. As testemunhas constituem-se do material mais plantado no Brasil. As sementes que originaram estas testemunhas foram adquiridas do pioneiro produtor Nagashi Tominaga, que produziu e distribuiu sementes delas em todo o Brasil. Com o emprego de testemunhas comuns, viabilizou-se o

processamento da análise conjunta dos experimentos. Os acessos foram plantados com sementes diretamente nas covas e todos os tratos culturais como calagem, adubação, controle de pragas e doenças foram realizados de acordo com DIAS et al. (2007).

Tabela 1. Codificação e origem das 78 famílias de *Jatropha curcas* L. avaliadas

Código	Número de famílias	Estado de Origem	País
UFVJC 1-34; 36; 42; 48-59; 61; 68; 72-76	55	Minas Gerais	Brasil
UFVJC 40; 43; 46-47; 77	5	São Paulo	Brasil
UFVJC 44-45	2	Mato Grosso	Brasil
UFVJC 39	1	Tocantins	Brasil
UFVJC 37; 78	2	Pernambuco	Brasil
UFVJC 35	1	Ceará	Brasil
UFVJC 66	1	Maranhão	Brasil
UFVJC 62	1	Pará	Brasil
UFVJC 67	1	Rondônia	Brasil
UFVJC 60	1	Rio Grande do Sul	Brasil
UFVJC 41	1	Mato Grosso do Sul	Brasil
UFVJC 38	1	Rio Grande do Norte	Brasil
UFVJC 69-71	3	Desconhecido	Camboja
UFVJC 63-65	3	Desconhecido	Brasil

Os caracteres avaliados nos anos de produção 2012/13 e 2013/14 que corresponderam, respectivamente, ao quarto e quinto ano de cultivo (plantas com 48 e 60 meses), foram: produtividade de frutos (PF), grãos (PG), com umidade de 11%, e óleo (PO), em kg.ha⁻¹, e teor de óleo da semente (TO), em %.

Na avaliação da PF, a colheita dos frutos foi realizada em estágio final de maturação. Frutos maduros de coloração amarela e marrom foram colhidos nos cachos e no chão, ao redor da planta. Em seguida, foram secos a 60 °C em estufa de circulação forçada de ar por 48 horas. Após serem pesadas e anotadas as produções de frutos de cada planta, estes foram beneficiados e quantificados quanto à PG. Em seguida, foi avaliado o caractere de semente, TO, em %, pelo método de ressonância magnética nuclear (*Oxford Instruments*), no laboratório de Melhoramento de Oleaginosas, no Departamento de Fitotecnia da UFV. Posteriormente, foi obtido o caractere PO, pela expressão [(PG x TO)/100]. O modelo estatístico adotado para analisar estas características de produtividade foi o 67, avaliação em um local e em várias colheitas, proposto por RESENDE (2007b):

$$y = X_m + Z_a + W_p + Q_s + T_b + e$$

em que:

y = vetor de dados;

m = vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p = vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios);

s = vetor dos efeitos permanentes (aleatórios);

b = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

e = vetor de erros (aleatórios).

X, Z, W, T e Q representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados, com base nos componentes de variâncias, os seguintes parâmetros genéticos (RESENDE, 2002; 2007a):

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_{parc}^2$ = variância ambiental entre parcelas;

$\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância dos efeitos de ambiente permanente;

$\hat{\sigma}_b^2$ = variância ambiental entre blocos;

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual;

$\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica, em que $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{parc}^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_e^2$;

h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito;

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$$c_{parc}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{parc}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

$$c_{perm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos;

$$c_{blocos}^2 = \frac{\hat{\sigma}_b^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

r = repetibilidade individual;

$$r = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

As predições dos valores genotípicos (componentes de médias) e o ganho genético esperado na seleção para cada indivíduo, realizada via BLUP, foram obtidas considerando:

f = valor fenotípico medido no campo.

\hat{a} = efeito genético aditivo predito;

$\hat{u} + \hat{a}$ = valor genético aditivo predito, onde \hat{u} = média geral;

\bar{X}_m = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas;

$$\bar{X}_m = \frac{\sum \hat{u} + \hat{a}}{n}$$

G_s = ganho genético esperado na seleção com base nos efeitos aditivos;

$$G_s = \frac{\sum \hat{a}}{n}$$

G_s (%) = ganho genético esperado na seleção, em %;

$$G_s (\%) = \frac{G_s}{\bar{X}} \times 100$$

A segunda etapa das análises contemplou as características peso de 50 frutos (P50F), comprimento (CF) e largura (LF) do fruto, peso de 100 sementes (P100S) e comprimento (CS) e largura (LS) da semente. Por estas características não apresentaram grande diferença entre os acessos, os frutos colhidos em cada uma das quatro plantas individuais que compõe as parcelas foram agrupados, formando uma única fonte de dados, por parcela. Uma amostra de 50 frutos, escolhidos aleatoriamente, foi retirada para avaliação. O P50F (g) foi determinado pela pesagem aleatória de 50 frutos de cada parcela. Destes foram retiradas amostras aleatórias de 10 frutos e sementes e avaliadas, com auxílio do paquímetro digital, as características CF, LF, CS, LS (mm) e o P100S (g) foi determinado pela pesagem de 100 sementes escolhidas aleatoriamente de cada parcela.

O modelo estatístico adotado para avaliar estas características foi o 78, avaliação em um local e em várias colheitas, proposto por RESENDE (2007b):

$$y = X_m + Z_g + W_b + T_i + Q_p + e,$$

em que,

y = vetor de dados,

m = vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,

g = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

b = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios),

i = vetor dos efeitos da interação genótipos x medições,

p = vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e

e = vetor de erros (aleatórios).

X, Z, W, T e Q representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados, com base nos componentes de variâncias, os seguintes coeficientes de determinação e parâmetros genéticos (RESENDE, 2002; 2007a):

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica;

$\hat{\sigma}_b^2$ = variância ambiental entre blocos;

$\hat{\sigma}_{gm}^2$ = variância da interação genótipos x medições;

$\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância dos efeitos de ambiente permanente;

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual;

$\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2 + \hat{\sigma}_e^2$;

h_g^2 = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

$$h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos;

$$c_{blocos}^2 = \frac{\hat{\sigma}_b^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{gm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x medições;

$$c_{gm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

$$c_{perm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

r = repetibilidade em nível de parcela

$$r = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{perm}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

r_{gmed} = correlação genotípica através das medições.

Para ambas as etapas as análises estatísticas e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas considerando a abordagem de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) por meio do *software* Selegen (RESENDE, 2007b), em que os componentes de variância são estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viesada (BLUP).

O coeficiente de correlação de Pearson foi realizado com o auxílio do *software* Genes (CRUZ, 2006). Para tanto, foram utilizados os valores genotípicos de cada variável obtidos através das análises de modelos mistos dos acessos, dando assim, maior credibilidade ao resultado.

A diversidade genética foi quantificada utilizando o modelo 104 do *software* Selegen (REZENDE, 2007b), através do método de Tocher, apresentado por RAO (1952), a partir da distância generalizada de Mahalanobis.

5. RESULTADOS

5.1. Estatística descritiva

As produtividades de grãos (PG) e de óleo (PO) avaliadas nas plantas do BAG, em 2013 (aos 48 meses) foram em média de 851,7 kg.ha⁻¹ (198,7 a 3438,2 kg.ha⁻¹) e 309,1 kg.ha⁻¹ (70,3 a 1214,05 kg.ha⁻¹), respectivamente. Já em 2014 (aos 60 meses), esses valores médios foram de 236,6 kg.ha⁻¹ (64 a 1527 kg.ha⁻¹) e 64,6 kg.ha⁻¹ (15,0 a 473,9 kg.ha⁻¹), respectivamente. Com relação a produtividade de frutos (PF), teor de óleo (TO), peso dos 50 frutos (P50F) e das 100 sementes (P100S), estes também apresentaram valores menores em 2014, comparado a 2013. Para as demais características os valores se mantiveram constantes nos dois anos de avaliação (Tabela 2).

Tabela 2. Estatística descritiva para produtividades de frutos (PF), grãos (PG) e óleo (PO) teor de óleo (TO), peso de 50 frutos (P50F), peso de 100 sementes (P100S), comprimento (CS) e largura (LS) de sementes e comprimento (CF) e largura de frutos (LF), avaliados nas sementes e frutos dos 78 acessos de *Jatropha curcas* L.

Estatísticas	2013									
	PF	PG	PO	TO	P50F	P100S	CS	LS	CF	LF
Média	1175,91	851,74	309,17	36,22	130,46	69,59	17,80	10,59	28,37	20,71
Erro padrão	15,11	11,18	4,13	0,06	0,52	0,25	0,02	0,02	0,08	0,03
Mediana	1104,25	793,50	284,15	36,46	130,85	70,30	17,79	10,63	28,30	20,74
Modo	677,50	679,50	174,82	36,57	127,70	71,30	18,10	10,87	27,86	21,03
Desvio padrão	534,44	395,26	145,91	2,12	9,57	4,57	0,41	0,29	1,44	0,53
Variância	285622,98	156231,07	21289,55	4,51	91,67	20,92	0,17	0,08	2,06	0,28
Mínimo	256,25	198,75	70,31	21,29	97,40	51,10	16,83	9,67	24,06	19,44
Máximo	4827,75	3438,25	1214,05	43,91	158,50	81,30	19,36	11,18	37,30	22,04
Estatísticas	2014									
	PF	PG	PO	TO	P50F	P100S	CS	LS	CF	LF
Média	325,30	236,64	64,65	27,11	116,20	54,36	17,90	10,48	29,46	20,79
Erro padrão	7,81	5,83	1,67	0,09	0,69	0,33	0,02	0,02	0,08	0,04
Mediana	225,75	160,50	43,05	26,86	116,75	53,70	17,91	10,48	29,55	20,87
Modo	119,50	90,50	25,09	27,16	118,80	49,70	17,96	10,47	29,94	20,90
Desvio padrão	276,12	206,36	58,95	3,15	12,86	6,03	0,45	0,33	1,49	0,71
Variância	76241,85	42585,83	3475,66	9,94	165,42	36,34	0,20	0,11	2,22	0,50
Mínimo	100,00	64,00	15,01	20,01	71,30	37,00	16,81	9,56	20,70	18,09
Máximo	2178,00	1527,00	473,98	37,31	152,50	72,00	19,42	11,48	35,64	23,24

5.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Para os caracteres avaliados verificou-se a existência de variabilidade entre as famílias (Tabela 3). Produtividades de grãos (PG) e óleo (PO) apresentaram coeficientes de herdabilidade no sentido restrito de 51,50% e 50,76%, respectivamente. Para todas as características avaliadas (Tabela 3) foram observados baixos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela, de ambiente permanente e de blocos, variando de 0,77 a 5,8%. Valores de repetibilidade individual variaram de 0,28 a 0,66.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para produtividades de frutos (PF), grãos (PG), óleo (PO) e teor de óleo (TO), avaliados nas 78 acessos de *Jatropha curcas* L.

Estimativas de parâmetros genéticos	PF	PG	PO	TO
$\hat{\sigma}_a^2$	72337,4279	50553,1687	6219,8524	1,3899
$\hat{\sigma}_{parc}^2$	8720,5942	5724,8494	600,8987	0,2697
$\hat{\sigma}_{perm}^2$	7707,7619	4235,5755	212,3462	0,0555
$\hat{\sigma}_b^2$	10135,6790	4939,6915	485,5916	0,3746
$\hat{\sigma}_e^2$	80974,7679	33275,3161	4734,4153	5,1270
$\hat{\sigma}_f^2$	179876,2310	98728,6013	12253,1042	7,2167
h_a^2	0,4022	0,5120	0,5076	0,1926
c_{parc}^2	0,0485	0,0580	0,0490	0,0374
c_{perm}^2	0,0429	0,0429	0,0173	0,0077
c_{blocos}^2	0,0563	0,0500	0,0396	0,0519
$CV_{gi}\%$	35,29	40,70	41,49	3,71
r	0,5498	0,6630	0,6136	0,2896
Média geral	762,07	552,40	190,09	31,74

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{parc}^2$ = variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância dos efeitos de ambiente permanentes; $\hat{\sigma}_b^2$ = variância ambiental entre blocos; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica; h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; c_{parc}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de permanentes; c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; $CV_{gi}\%$ = coeficiente de variação genotípico individual; r = repetibilidade individual

As características apresentadas na Tabela 4, apresentaram baixo coeficiente de variação, com baixos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo. Para todas elas foram observados também baixos coeficientes de determinação dos efeitos de ambiente permanente e de blocos, variando de 0,46 a 20,09%. Valores de repetibilidade individual variaram de 0,09 a 0,37. Com relação ao coeficiente de determinação da interação genótipo x medições, os maiores valores observados foram para CF (0,24), P100S (0,19) e P50F (0,18). Já para a correlação genotípica através das medições, os maiores valores observados foram para CS (0,83) e LF (0,76) (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos para as características peso de 50 frutos (P50F), peso de 100 sementes (P100S), comprimento (CF) e largura dos frutos (LF), comprimento (CS) e largura das sementes (LS) avaliadas nos 78 acessos de *Jatropha curcas* L.

Estimativas de parâmetros genéticos	P50F	P100S	CS	LS	CF	LF
$\hat{\sigma}_g^2$	0,5537	0,1101	0,0369	0,0171	0,0918	0,0436
$\hat{\sigma}_b^2$	26,3301	4,5438	0,0323	0,0094	0,0930	0,0155
$\hat{\sigma}_{gm}^2$	24,7743	5,8783	0,0074	0,0051	0,5294	0,0308
$\hat{\sigma}_{perm}^2$	0,6032	0,4117	0,0018	0,0052	0,0143	0,0025
$\hat{\sigma}_e^2$	78,8032	18,4699	0,1102	0,0561	1,4407	0,3028
$\hat{\sigma}_f^2$	131,0645	29,4138	0,1886	0,0929	2,1693	0,3952
h_g^2	0,0042	0,0037	0,1956	0,1837	0,0423	0,1104
r	0,2097	0,1722	0,3763	0,3408	0,0918	0,1560
c_{blocos}^2	0,2009	0,1545	0,1710	0,1015	0,0429	0,0393
c_{gm}^2	0,1890	0,1998	0,0391	0,0554	0,2441	0,0780
c_{perm}^2	0,0046	0,0140	0,0097	0,0556	0,0066	0,0063
$CV_g \%$	0,60	0,54	1,08	1,24	1,05	1,01
r_{gmed}	0,0219	0,0184	0,8332	0,7683	0,1477	0,5861
Média geral	123,32	61,94	17,85	10,53	28,94	20,75

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_b^2$ = variância ambiental entre blocos; $\hat{\sigma}_{gm}^2$ = variância da interação genótipos x medições; $\hat{\sigma}_{perm}^2$ = variância dos efeitos de ambiente permanentes; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica; h_g^2 = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{gm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x medições; c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de permanentes; r = repetibilidade individual; $CV_g \%$ = coeficiente de variação genotípico; r_{gmed} = correlação genotípica através das medições.

5.3. Seleção de famílias e plantas superiores

Dos 78 acessos (assumidas famílias de meias-irmãs) e duas testemunhas comuns aos quatro experimentos, foram selecionadas 20 famílias quanto às produtividades de frutos (PF), grãos (PG), óleo (PO) e teor de óleo (TO) através do valor genético aditivo, o que proporcionou ganhos médios de 40,5, 46,3, 47,9 e 3,5%, respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5. Ganho genético predito com a seleção das 20 melhores famílias de *Jatropha curcas* L., para produtividades de frutos (PF), grãos (PG), óleo (PO) e teor de óleo da semente (TO), avaliadas em dois anos de produção

Ordem	Família	PF (kg.ha ⁻¹)	Família	PG (kg.ha ⁻¹)	Família	PO (kg.ha ⁻¹)	Família	TO (%)
1	33	1653,30	27	1404,47	27	466,61	62	33,84
2	27	1457,26	33	1298,62	33	441,57	33	33,68
3	42	1377,23	24	1172,86	24	401,19	38	33,53
4	24	1335,86	42	1103,38	42	380,77	61	33,44
5	31	1308,19	75	1055,50	75	366,38	46	33,38
6	75	1283,57	31	1020,11	31	354,81	42	33,34
7	56	1256,93	56	987,83	68	342,99	71	33,28
8	68	1232,38	68	962,54	56	333,27	41	33,23
9	61	1210,71	61	941,33	61	325,65	74	33,19
10	18	1192,26	18	921,44	73	319,53	24	33,15
11	37	1173,06	78	904,65	69	314,42	21	33,11
12	72	1156,74	72	890,56	78	310,11	60	33,08
13	73	1142,86	73	878,33	18	306,21	76	33,05
14	69	1130,75	37	867,27	37	302,22	19	33,02
15	78	1120,06	69	857,61	72	298,65	6	32,99
16	6	1110,19	6	846,85	53	294,80	18	32,96
17	53	1099,60	53	836,79	6	291,17	5	32,93
18	60	1090,11	8	827,10	60	287,77	3	32,91
19	29	1080,37	60	817,65	8	284,45	16	32,88
20	8	1071,03	63	808,28	71	281,23	23	32,86
Média das famílias		1224,12		970,16		335,19		33,19
Média geral		762,07		552,40		190,09		31,74
Ganho médio (%)		40,54		46,32		47,95		3,51

Selecionaram-se também 20 plantas com relação apenas à produtividade de óleo através do valor genético aditivo, o que proporcionou um ganho médio de 157,0%, elevando a média populacional de 190,0 kg.ha⁻¹ de óleo para 488,6 kg.ha⁻¹, com um tamanho efetivo de 12,2 (Tabela 6).

Tabela 6. Seleção dos 20 melhores indivíduos de *Jatropha curcas* L., com base no valor genético aditivo, considerando a produtividade de óleo, em kg.ha⁻¹, avaliada em dois anos de produção

Ordem	Família	Bloco	Árvore	f	a	u + a	Ganho	\bar{X}_m	Ne
1	33	2	4	669,42	411,06	601,15	411,06	601,15	1,00
2	27	2	1	694,45	408,32	598,41	409,69	599,78	2,00
3	69	3	1	619,55	369,11	559,20	396,16	586,25	3,00
4	72	3	3	608,26	350,38	540,47	384,72	574,80	4,00
5	24	4	1	570,96	344,64	534,73	376,70	566,79	5,00
6	42	4	3	565,38	324,91	515,00	368,07	558,16	6,00
7	27	2	3	590,54	309,58	499,67	359,72	549,80	6,50
8	33	1	3	542,84	309,39	499,48	353,42	543,51	7,06
9	24	4	2	531,21	306,87	496,96	348,25	538,34	7,66
10	T1	3	3	562,22	302,11	492,20	343,64	533,73	8,64
11	73	1	1	526,78	298,02	488,10	339,49	529,58	9,63
12	27	1	4	477,17	280,61	470,70	334,58	524,67	9,83
13	61	3	3	530,99	269,97	460,06	329,61	519,70	10,81
14	T1	3	1	483,70	267,85	457,94	325,20	515,29	11,44
15	27	1	3	455,29	259,83	449,92	320,84	510,93	11,39
16	56	4	1	459,28	240,24	430,32	315,81	505,89	12,35
17	27	3	1	482,69	238,52	428,61	311,26	501,35	12,10
18	27	3	3	479,63	235,61	425,69	307,06	497,15	11,74
19	27	2	2	499,26	222,85	412,94	302,62	492,71	11,33
20	55	1	2	447,92	220,92	411,01	298,54	488,63	12,20
Ganho médio (%)							157,05		
Média geral (u)							190,09		

f = valor fenotípico; a = efeito aditivo; u + a = valor genético aditivo; \bar{X}_m = médias melhoradas; Ganho = ganho genético esperads; Ne = tamanho efetivo populacional.

Também foi realizada a seleção de 20 plantas com relação à produtividade de óleo através do valor genotípico, o que proporcionou um ganho médio de 162,7%, elevando a média populacional de 190,0 kg.ha⁻¹ de óleo para 466,6 kg.ha⁻¹, com um tamanho efetivo de 17,07 (Tabela 7).

Tabela 7. Seleção dos 20 melhores indivíduos de *Jatropha curcas* L., com base no valor genotípico, considerando a produtividade de óleo, em kg.ha⁻¹, avaliada em dois anos de produção

Ordem	Família	Bloco	Árvore	f	g	u + g	Ganho	\bar{X}_m	Ne
1	33	2	4	669,42	609,62	799,71	609,62	601,15	1,00
2	69	3	1	619,55	590,75	780,84	590,75	586,25	3,00
3	27	2	1	694,45	588,36	778,45	588,36	599,78	2,00
4	72	3	3	608,26	564,45	754,54	564,45	574,80	4,00
5	24	4	1	570,96	530,96	721,05	530,96	566,79	5,00
6	T1	3	3	562,22	524,33	714,42	524,33	533,73	8,64
7	42	4	3	565,38	498,38	688,47	498,38	558,16	6,00
8	73	1	1	526,78	471,93	662,02	471,93	529,58	9,63
9	24	4	2	531,21	468,00	658,09	468,00	538,34	7,66
10	T1	3	1	483,70	467,24	657,33	467,24	515,29	11,44
11	33	1	3	542,84	440,17	630,25	440,17	543,51	7,06
12	61	3	3	530,99	425,08	615,17	425,08	519,70	10,81
13	27	2	3	590,54	423,80	613,89	423,80	549,80	6,50
14	55	1	2	447,92	375,63	565,72	375,63	488,63	12,20
15	27	1	4	477,17	375,52	565,60	375,52	524,67	9,83
16	56	4	1	459,28	375,34	565,43	375,34	505,89	12,35
17	27	1	3	455,29	340,87	530,96	340,87	510,93	11,39
18	64	3	3	418,30	337,64	527,73	337,64	469,97	16,18
19	37	3	4	450,58	332,04	522,13	332,04	481,02	13,53
20	6	2	2	368,97	309,38	499,47	309,38	466,68	17,07
Ganho médio (%)							162,75		
Média geral (u)							190,09		

f = valor fenotípico; g = genotípico; u + g = valor genotípico; \bar{X}_m = médias melhoradas; Gs = ganhos genéticos esperados; Ne = tamanho efetivo populacional.

5.4. Correlações genotípicas entre características

Com relação à produtividade de óleo (PO), correlações genotípicas positivas e significativas foram observadas com PF (0,96), PG (0,99) e TO (0,38); para CS a correlação foi significativa, porém negativa (-0,40). Para as demais características as maiores correlações significativas foram observadas entre PF e PG (0,96), CS e CF (0,66), LS e LF (0,63), P50F e LF (0,50), P50F e P100S (0,48) e entre P50F e CS (0,44) (Tabela 8).

Tabela 8. Correlação de Pearson processada com os valores genotípicos obtidos com aplicação do BLUP, entre as produtividades de frutos (PF), grãos (PG), óleo (PO), teor de óleo (TO), peso de 50 frutos (P50F) e de 100 sementes (P100S), comprimento (CS) e largura (LS) das sementes, e comprimento (CF) e largura (LF) dos frutos, avaliadas nos 78 acessos de *Jatropha curcas* L.

Características	PG	PO	TO	P50F	P100S	CS	LS	CF	LF
PF	0,96**	0,96**	0,34**	-0,05	-0,10	-0,43**	-0,20	-0,23*	-0,15
PG		0,99**	0,31**	-0,03	-0,08	-0,40**	-0,18	-0,20	-0,10
PO			0,38**	-0,01	-0,05	-0,40**	-0,21	-0,20	-0,13
TO				0,40**	0,34**	-0,10	-0,24*	0,10	-0,07
P50F					0,48**	0,44**	0,14	0,40**	0,50**
P100S						0,35**	0,21	0,18	0,34**
CS							0,09	0,66**	0,18
LS								-0,26*	0,63**
CF									0,11

**,* significativo pelo teste t, a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.

5.5. Diversidade genética entre acessos

A partir da matriz de distância generalizada de Mahalanobis gerada com os dados de produtividade óleo (PO), obtidos aos 48 e 60 meses de plantio dos 78 acessos de *J. curcas*, foi realizado o agrupamento pelo método de otimização de Tocher (Tabela 9). Este método separou as famílias em cinco grupos, em que o maior foi o I contendo 47 famílias, seguido pelo grupo III, II, IV e V, com 16, 11, 4 e 2 famílias, respectivamente.

Tabela 9. Agrupamento das 78 famílias de *Jatropha curcas* L. pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis, em relação a produtividade de óleo (PO) avaliada em dois anos de produção

Grupos	Famílias															
	3	4	7	9	10	11	12	13	15	19	21	22	23	25	28	29
I	30	32	34	38	41	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	54
	55	57	58	59	62	64	65	66	67	70	74	76	77	T1	T2	
II	1	2	14	16	17	20	26	35	36	39	40					
III	5	6	8	18	37	53	56	60	61	63	68	69	71	72	73	78
IV	24	31	42	75												
V	27	33														

Números em negrito representam as 11 famílias obtidas pela seleção com base no valor genético aditivo.

Números sublinhados representam as 14 famílias obtidas pela seleção com base no valor genotípico.

6. DISCUSSÃO

Os acessos de *J. curcas* que compõe o BAG foram coletados de diferentes regiões do Brasil (12 estados) e também do Camboja. Este estudo foi realizado em dois anos, 2013 e 2014, aos 48 e 60 meses pós-plantio. Em 2014, o ataque intenso do inseto *Pachycoris* sp. e o baixo índice de chuva reduziu a produção de grãos das plantas e o teor de óleo nas sementes (Tabela 2). Ninfas e adultos desse inseto sugam os frutos imaturos, causando aborto prematuro deles, má formação das sementes e redução dos pesos de ambos (DIAS et al. 2007). A média de produtividade de grãos (PG) caiu de 851,7 kg.ha⁻¹ em 2013, para 236,6 kg.ha⁻¹ em 2014, enquanto a produtividade de óleo (PO) foi reduzida de 309,1 kg.ha⁻¹ para 64,6 kg.ha⁻¹, na mesma comparação dos anos. Peso de 50 frutos e peso de 100 sementes também apresentaram reduções de 2013 para 2014 (Tabela 2). Para comprimento e largura de sementes e de frutos os valores foram praticamente os mesmos, de um ano para outro, demonstrando que estas características não são afetadas pelo ataque de *Pachycoris* sp.

FREITAS et al. (2011), analisando as sementes das plantas matrizes que deram origem ao BAG, encontraram teor médio de óleo de 31%, com ampla variabilidade de 16% a 45%. Na Tabela 2 verificou-se variação 21,2 a 43,9%, em 2013, e em 2014 de 20,0 a 37,3%. Portanto, o ataque de *Pachycoris* sp. reduziu tanto o rendimento médio de óleo quanto sua variação. O teor de óleo é uma importante característica a ser explorada no melhoramento, pois, através dela calculamos a produtividade de óleo, e os dados comprovam que a alta variabilidade observada nas sementes das plantas matrizes foi preservada nas famílias coletadas. Os teores médios de óleo e sua variação encontrados no presente trabalho estão em linha com outros da literatura (Tabela 10).

Tabela 10. Média e variação do rendimento de grãos por planta (RGP) e teor de óleo nas sementes (TO) de *Jatropha curcas* L.

País	Idade das plantas (meses)	TO (%)	RGP (g)	Referências
Ásia		31,4 (27,8 a 38,4%)		WANI et al. (2006)
Índia	-	33,0 (28,0-38,8)		KAUSHIK et al. (2007)
Índia	60	33,7 (29,8-37,0)	147,8 (36,6-263,9)	RAO et al. (2008)
Índia	36		84,7 (34,8-196,4)	DAS et al. (2010)
Brasil	36	36,1 (23,3-39,0)		ROCHA et al. (2012)
Brasil	48	33,7 (27,1-40,2)		ROCHA et al. (2012)
Índia	30	32,3 (22,4-35,4)	432,4 (222-635)	WANI et al. (2012)
Brasil	24		175,8 (52,8-782,0)	LAVIOLA et al. (2013)
Malásia	24	32,3 (24,4-35,5)	282,8 (107,2-745,7)	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
Brasil	20		175,9 (57,1-537,1)	BHERING et al. (2013)
Índia	34	26,2% (20,8 a 36,1%)		MAURYA et al. (2013)
Índia	30		214,7 (37,5 a 857,5)	TRIPATHI et al. (2013)
África do Sul	24	34,8%		NEGUSSIE et al. (2014)
África do Sul	60	38,7%		NEGUSSIE et al. (2014)
Brasil	48	36,39%		CARDOSO (2014)
Brasil	60	32,50%		CARDOSO (2014)

Entre os parâmetros genéticos que podem auxiliar o direcionamento da seleção de genótipos promissores de *J. curcas* destacam-se a variância genética e a herdabilidade. A variância genética aditiva é uma importante ferramenta utilizada pelos melhoristas pois

possibilita ampliar os conhecimentos sobre os caracteres sob seleção, uma vez que está relacionada com o número de alelos favoráveis para a característica. A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da porção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, sendo definida como a razão da variância aditiva pela fenotípica (BORÉM & MIRANDA, 2009).

A existência de variabilidade genética na população é premissa básica para a obtenção de ganhos com a seleção. Nesse sentido, instrumentos importantes para o trabalho do melhorista têm sido as estimativas de parâmetros genéticos e a predição do ganho genético com a seleção de famílias e indivíduos. Para tanto, a metodologia de avaliação genética REM/BLUP vem sendo utilizada em diversos trabalhos de avaliação de famílias, populações e clones de *J. curcas* (ABREU et al., 2009; JUHÁSZ et al., 2010; FREITAS et al., 2011; LAVIOLA et al., 2012; ROCHA et al., 2012; BORGES et al., 2014).

Em geral, este trabalho verificou variabilidade genética entre as famílias em estudo (Tabela 3), com destaque para as características PG e PO, com coeficientes de variação genética individual (CV_{gi} %) de 40,7 e 41,4%, respectivamente. Estimativas de herdabilidade (h_a^2) apresentaram magnitudes que demonstram uma situação favorável para a seleção de PG e PO, com valores de 51,20 e 50,76%, respectivamente.

Com relação a pesos de 50 frutos (P50F), de 100 sementes (P100S), comprimento (CF) e largura dos frutos (LF), comprimento (CS) e largura das sementes (LS) verificou-se baixa variabilidade genética entre as famílias (Tabela 4), com CV_{gi} % variado de 0,54 a 1,24%. Estimativas de herdabilidade (h_g^2) apresentaram baixas magnitudes. Felizmente estas não são características-alvo do programa de melhoramento de *J. curcas*.

O teor de óleo e o rendimento de grãos de *J. curcas* variam consideravelmente e podem ser atribuídos a diversos fatores como genótipo, precipitação e fertilidade do solo (MISHRA 2009). Acessos avaliados no presente trabalho apresentaram maior variabilidade para teor de óleo, quando comparado com os da Índia, México e África estudados por BASHA et al. (2009). Estes autores encontraram teores médios de óleo semelhantes ao do presente trabalho, no entanto, a variação foi de menor magnitude. Portanto, o BAG da UFV contém alta variabilidade para o programa de melhoramento genético que visa o aumento da produtividade de óleo.

Estimativas de parâmetros genéticos visando a produtividade de grãos e óleo são escassas para *J. curcas* (Tabela 11). No entanto, estas são as características principais que devem ser exploradas no programa de melhoramento. ROCHA et al. (2012) também

verificaram que são escassos os trabalhos que estimam componentes genéticos e ganhos com a seleção, levando em consideração medidas repetidas e avaliação de plantas em idade produtiva.

Tabela 11. Estimativas de parâmetros genéticos para várias características de *Jatropha curcas* L., compiladas da literatura

Características	Idade da planta (meses)	h_g^2	h_a^2	CV_g % * CV_{gi} %	Referências
CS	-	77,00		2,45	KAUSHIK et al. (2007)
CS	60	82,14		5,44	RAO et al. (2008)
CS	24	85,40		3,38	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
LS	-	57,00		2,00	KAUSHIK et al. (2007)
LS	60	77,77		11,34	RAO et al. (2008)
LS	24	81,80		1,94	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
P100S	-	96,0		8,83	KAUSHIK et al. (2007)
P100S	60	93,16		7,34	RAO et al. (2008)
P100S	24	80,50		7,04	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
P100S	36	95,80		18,1	DAS et al. (2010)
P100S	20		65,29	4,81	BEHING et al. (2013)
RGP	36	77,10		66,2	DAS et al. (2010)
RGP	24		65,0	77,37	LAVIOLA et al. (2012)
RGP	20		62,92	29,01	BEHING et al. (2013)
RGP	24	71,70		48,95	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
TO	-	99,00		8,83	KAUSHIK et al. (2007)
TO	60	99,61		11,67	RAO et al. (2008)
TO	36	79,50		5,73	ROCHA et al. (2012)
TO	48	78,50		6,36	ROCHA et al. (2012)
TO	24	67,60		6,98	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
TO	48 e 60		0,23	3,70*	CARDOSO (2014)
PF	48 e 60		0,19	27,85*	CARDOSO (2014)
PG	48 e 60		0,19	28,45*	CARDOSO (2014)
PO	48 e 60		0,20	30,03*	CARDOSO (2014)

RGP: rendimento de grãos por planta; h_g^2 : herdabilidade no sentido amplo (%); h_a^2 : herdabilidade no sentido restrito (%); CV_g %: coeficiente de variação genotípico; CV_{gi} %: coeficiente de variação genotípico individual.

O coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c_{blocos}^2) indica o quanto há de heterogeneidade ambiental entre as parcelas dentro do bloco. Neste experimento, os baixos valores de c_{blocos}^2 , entre 3,96 e 5,56% (Tabela 3) e entre 3,93 e 20,09% (Tabela 4) mostram que o delineamento utilizado foi eficiente e a capacidade de teste foi adequada, isto é, houve boa homogeneidade entre as parcelas dentro dos blocos e os genótipos aproveitaram muito bem as condições ambientais a que foram submetidos.

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela apresentou baixos valores, sendo o maior para PG (0,0580; Tabela 3) significando que a variação entre parcelas dentro do bloco

explicou 5,80% da variabilidade total dentro do bloco. Para as demais características os valores variaram de 3,74 a 4,90%.

O coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente (c_{perm}^2) refere-se ao ambiente intrínseco da parcela (presença de pedra, formigueiro, solo compactado, etc). O c_{perm}^2 fornece também a variação ambiental de um ano para o outro ou a correlação ambiental das observações dentro das parcelas ao longo do tempo. Neste experimento, os valores de c_{perm}^2 variaram de 0,77 a 4,29% (Tabela 3) e 0,46 a 5,56% (Tabela 4), demonstrando que o campo experimental possui excelentes condições de cultivo.

Os coeficientes de determinação genótipo x medição (c_{gm}^2) variaram de 5,54 a 19,98%. Quanto maior o número de avaliações, para caracteres com alto c_{gm}^2 , maior a probabilidade de ocorrerem diferenças entre anos (ambientes). Avaliações cujos valores não oscilam demasiadamente tendem a apresentar menor interação, como ocorrido para P50F e P100S.

Em espécies perenes, é esperado que a performance de um dado genótipo perdure através dos anos. O coeficiente de repetibilidade indica que o fenótipo de um dado indivíduo pode ser corretamente determinado com um número mínimo de medições. Em termos de estratégia de seleção, isto pode se constituir em uma vantagem, uma vez que um pequeno número de avaliações é suficiente para inferir o valor de um indivíduo com um determinado grau de certeza, isto indica a possibilidade de selecionar genótipos que mantêm sua superioridade ao longo dos anos, a interpretação de medições ao longo do tempo é fundamental para a caracterização do desempenho produtivo de plantas perenes que se caracterizam pelo seu longo ciclo reprodutivo e expressão diferenciada dos caracteres ao longo do tempo (RESENDE, 2002). RESENDE (2002) classificou a repetibilidade em alta ($r \geq 0,60$), média ($0,30 < r < 0,60$) e baixa ($r \leq 0,30$). No presente estudo é relatado repetibilidade médias para o PF (0,5498), baixa para TO (0,2896) e alta para PG (0,6630) e PO (0,6136), indicando que as famílias avaliadas mantêm superioridade relativa ao longo dos anos para PF e TO, e alta para PG e PO, com inferência baseada na média de duas medições ou colheitas (Tabela 3). Para as variáveis P50F, P100S, CF e LF a repetibilidade foi baixa, variando de 0,0918 a 0,2097. Já para CS e LS a repetibilidade foi média, 0,3763 e 0,3408. CARDOSO (2014) encontraram valores de repetibilidade maiores que 0,51 para os caracteres PF, PG e PO, indicando também que duas medições ou colheitas consecutivas são suficientes

para estes caracteres. SPINELLI et al. (2012), observaram coeficiente de repetibilidade de 0,52 para produção de grãos de *J. curcas*, com três medições.

Segundo RESENDE (2007) uma maneira de constatar se a interação genótipos e medições é simples ou complexa é por meio do valor da correlação genotípica ao longo das medições (r_{gmed}). Estimativas iguais ou maiores que 0,70 indicam que a interação é do tipo simples, ao passo que para r_{gmed} menor que 0,70 a interação é complexa. VENCOVSKY et al. (1992) e MAIA et al. (2009) expõem a situação em que ocorre a interação genótipos x ambientes, mas a sua magnitude não afeta excessivamente a classificação dos genótipos. Quando isso ocorre esta interação é do tipo simples, ao passo que a falta da correlação entre o ordenamento dos genótipos de um ano para outro acarreta interação do tipo complexa, dificultando a seleção de materiais mais estáveis e de maior amplitude de adaptação. Neste trabalho, as características CS e LF, apresentaram valores r_{gmed} de 0,83 e 0,76, respectivamente, mostrando que a interação, neste caso, é simples (Tabela 4).

A população-base para o melhoramento deve ser formada por genitores selecionados em bancos de germoplasma, os quais apresentem característica desejável quanto ao caráter de interesse e representem a diversidade genética da espécie (BHERING et al. 2011). A seleção inicial de genótipos divergentes superiores quanto à produção de grãos e óleo, aumenta a chance de seleção de combinações gênicas superiores, já nas primeiras gerações, em razão da concentração de alelos favoráveis (LAVIOLA et al., 2010; JUHÁSZ et al., 2013).

A seleção dos melhores indivíduos visando sistema de propagação (assexuado ou sexuado) é relatada em poucos trabalhos com *J. curcas* (LAVIOLA et al., 2012; BORGES et al., 2014) e em outras espécies perenes florestais como pinus (MISSIO et al., 2004; MISSIO et al., 2005); frutíferas como açaizeiro (FARIAS NETO et al., 2008), cupuaçuzeiro (ALVES & RESENDE, 2008), coqueiro (FARIAS NETO et al., 2009); palmácea como pupunheira (FARIAS NETO et al., 2013), arbórea como seringueira (COSTA et al., 2008).

A seleção clonal é um método recomendado pois, toda a variabilidade genética presente na população é explorada e o genótipo selecionado terá a mesma constituição genética da planta-mãe. O processo inicia-se com a seleção das melhores plantas no BAG, classificação e clonagem delas.

Como primeira etapa do programa de melhoramento tem-se o BAG, constituído por plantas provenientes de sementes, onde será realizada uma seleção com base no valor genético aditivo (propagação sexuada) ou genotípico (propagação assexuada). Em um cenário de seleção seguida de clonagem, visando acelerar o programa de melhoramento, a seleção

pelo valor genotípico é adequada, pois, este capitaliza além do valor aditivo, o desvio de dominância e a epistasia.

O programa de melhoramento de *J. curcas* da UFV tem como prioridade a seleção das melhores plantas quanto a produtividade de óleo para a produção de biodiesel, o que é confirmado quando avaliamos a Tabela 5, dada à magnitude do ganho genético para o caractere PO (47,95%) quando selecionamos as 20 melhores famílias. No entanto, do ponto de vista prático, TO é uma caractere de difícil mensuração e necessária para a definição da PO.

O BAG possui 1376 plantas. Destas, foram selecionadas 20 com relação à produtividade de óleo por meio do valor genético aditivo e genotípico, a fim de definir, qual a melhor estratégia de seleção. A seleção pelo valor genético aditivo proporcionou um ganho médio de 157,0%, sendo a média melhorada das famílias elevada de 190,0 kg.ha⁻¹ de óleo para 488,6 kg.ha⁻¹ (Tabela 6). Já a seleção com base no valor genotípico, proporcionou um ganho de 162,7%, ganho este maior do que a seleção anterior, no entanto, a média melhorada das famílias foi menor, de 466,6 kg.ha⁻¹ (Tabela 7).

Neste cenário, devido *J. curcas* ser uma espécie perene e que demanda uma grande área experimental, a seleção de 20 plantas para a produção de grãos deve ser explorada no programa de melhoramento da UFV, visto que o ganho pode ser fortemente aumentado, mais de 150% em qualquer um dos dois cenários de seleção de plantas, desde que sejam mantidas as condições adequadas de manejo da cultura. CARDOSO (2014) estimou ganhos com seleção para produtividade de óleo de 56% e 66% para seleção pelo valor genético aditivo e valor genotípico, respectivamente. TRIPATHI et al. (2013), estudando 113 acessos na Índia aos três anos de idade, encontraram ganho máximo com a seleção para produção de grãos de 76,8% e para teor de óleo (avaliado em relação ao albúmen) de 2,8%.

O conhecimento da associação entre características é de grande importância nos programas de melhoramento, principalmente se a seleção de um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de medição e identificação. Se dois caracteres apresentam correlação genética positiva e favorável, é possível obter ganho para um deles por meio da seleção indireta no outro correlacionado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a processos seletivos mais rápidos do que a seleção direta sobre o caráter desejado (CRUZ et al., 2012).

A correlação genética pode suportar a escolha da característica-foco no melhoramento de *J. curcas*. A produtividade óleo apresenta alta correlação com PF (0,96) e PG (0,99) e baixa com TO (0,37). Significa que a seleção de plantas produtivas em óleo conduz também à

seleção de plantas produtivas em grãos e frutos, além de alto teor de óleo nas sementes. CARDOSO (2014) apresenta valores semelhantes para correlação, com correlação genotípica alta e significativa entre PO e PF, PG e TO. GINWAL et al. (2004) e KAUSHIK et al. (2007) não detectaram associação genética entre produção de grãos e teor de óleo nas sementes. Ausência de correlação entre LS e teor de óleo também foi encontrada por RAO et al. (2008). SPINELLI et al. (2010) consideraram que a produtividade de grãos é um dos caracteres mais importantes para a seleção de plantas em *J. curcas*, com maior rendimento de óleo, seguida, em menor proporção, dos caracteres volume de copa e teor de óleo na semente.

A análise multivariada da divergência é uma poderosa ferramenta para acessar a contribuição relativa de diferentes caracteres para a diversidade total, para quantificar o grau de divergência entre populações ou acessos e para escolha de parentais divergentes ou similares geneticamente. A distância generalizada de Mahalanobis foi à escolhida neste trabalho por levar em consideração a correlação residual entre os caracteres considerados. Pelo método de agrupamento de Tocher (Tabela 9), ao se avaliar produtividade de óleo (PO), foram obtidos cinco grupos distintos, em linha com a literatura (Tabela 12). Assim como já relatado por FREITAS et al. (2011), os três acessos do Camboja avaliados neste trabalho foram agrupados juntamente com os do Brasil. Este resultado pode ser o reflexo do processo de dispersão de *J. curcas* por humanos.

Foram selecionadas 11 e 14 famílias pelo valor genético aditivo e genotípico, respectivamente para a variável produtividade de óleo. O grupo III agrupou a maioria das famílias pela seleção por valor genético aditivo (cinco famílias), seguido pelos grupos I, VI e V (duas famílias cada). Já para a seleção por valor genotípico, o grupo III também agrupou a maioria das famílias (sete famílias), seguido pelos grupos I (três famílias) e VI e V (duas famílias cada).

O cruzamento entre indivíduos selecionados pertencentes a famílias de diferentes grupos deve ser enfatizado visando aumentar a probabilidade de obtenção de alta capacidade específica de combinação ou heterose (RESENDE, 2007b).

Tabela 12. Diversidade genética, utilizando a metodologia de cluster, entre acessos de *Jatropha curcas* L., compilada da literatura

Número de progênies/acessos	País	Número de Grupos	Referências
24	Índia	6	KAUSHIK et al. (2007)
32	Índia	4	RAO et al. (2008)
110	Brasil	5	LAVIOLA et al. (2010)
6	Indonésia, Malásia, Filipinas e Índia	3	BIABANI et al. (2012)
64	Brasil, Cabo Verde, Cuba, Moçambique e Senegal	2	RICCI et al. (2012)
48	Malásia	6	SHABANIMOFRAD et al. (2013)
121	Brasil	8	CARDOSO (2014)

Os dados apresentados no presente trabalho colaboram para o seguimento do programa de melhoramento de *J. curcas* da UFV, que entra em um novo estágio de condução. A partir deste momento as plantas serão selecionadas e novos ensaios serão montados em diferentes localidades, visando assim, estudar a adaptabilidade e maior produção de óleo para a espécie.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente trabalho demonstrou o potencial genético do BAG ao estudar dois anos de produção. As estimativas de parâmetros genéticos demonstraram para os caracteres PG e PO coeficientes de variação genética de 40,70 e 41,49% e estimativas de herdabilidade de 51,20 e 50,76%, respectivamente, demonstrando possibilidade de ganhos com a seleção. Com base nos valores de repetibilidade ($> 0,60$) apresentados pelos caracteres PG e PO, duas medições ou colheitas consecutivas são suficientes para demonstrar o potencial das famílias avaliadas, uma vez mantiveram seus desempenhos relativos ao longo dos dois anos.

A predição de ganho genético envolvendo as 20 melhores famílias resultou em um adicional de 47,9% de produtividade de óleo. No entanto, quando a predição de ganho genético envolve os 20 melhores indivíduos para valor genético aditivo (sementes), observou-se um adicional de 157,0% de produtividade de óleo, já para a predição de ganho genético envolvendo os 20 melhores indivíduos para valor genotípico (clones) resultou em um adicional de 162,75% de produtividade de óleo. Além disso, observou-se por meio da alta correlação entre os caracteres PO e PG, que ao selecionar os melhores indivíduos para PO também está selecionando os melhor para PG, garantindo assim, alta produtividade de óleo e grãos.

A seleção dos 20 melhores indivíduos com base no valor genotípico, para o caractere PO e o plantio em diferentes locais é a próxima fase do programa de melhoramento de *J. curcas* da UFV.

Os indivíduos coincidentes para seleção de sementes e clones foram 24 4 1, 27 1 3, 27 1 4, 27 2 1, 33 1 3, 33 2 4, 42 4 3, 55 1 2, 56 4 1, 61 3 3, 69 3 1, 72 3 3, 73 1 1 e T1 3 1 representando, respectivamente, família, bloco e árvore.

A diversidade genética também foi quantificada pelo agrupamento de Tocher por meio da distância de Mahalanobis, para o caractere foco do programa de melhoramento de *J. curcas*, PO, onde foi observado cinco grupos distintos.

8. REFERÊNCIAS

ABREU, F. B.; RESENDE, M. D. V. de; ANSELMO, J. L.; SATURNINO, H. M.; BRENHA, J. A. M.; FREITAS, F. B. Variabilidade Genética entre acessos de pinhão-manso na fase juvenil. **Magistra**, v. 21, n.1, p. 36-40, 2009.

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

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgar Blucer, 1971, 381p.

ANP (2014) **Agência Nacional do Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis**. Brasília, DF, Disponível em <<http://www.anp.gov.br>>. Acesso em: 21 outubro de 2014.

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

BARROS, D. M.; VASCONCELOS, E. C. Termelétricas a Lenha. In: MELLO, M. G. (Ed.). **Biomassa: Energia dos trópicos em Minas Gerais**. Belo Horizonte, MG: LabMídia/FAFICH, 2001, p. 221-224.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5 ed., Viçosa, MG: Editora UFV, 2009, 529p.

BORGES, C. V.; FERREIRA, F. M.; ROCHA, R. B.; SANTOS, A. R.; LAVIOLA, B. G. Productive capacity and genetic progress of physic nut. **Ciência Rural**, v. 44, n. 1, p. 64-70, 2014.

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

BASHA, S. D.; FRANCIS, G.; MAKKAR, H. P. S.; BECKER, K.; SUJATHA, M. A comparative study of biochemical traits and molecular markers for assessment of genetic relationships between *Jatropha curcas* L. germplasm from different countries. **Plant Science**, v. 176, p. 812-823, 2009.

BHERING, L. L.; CRUZ, C. D.; LAVIOLA, B. G. Biometria aplicada ao melhoramento de espécies alternativas para produção de biodiesel. In: CARDOSO, D. L.; LUZ, L. N.; PEREIRA, T. N. S. (Ed.). **Estratégias em melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Arka, 2011, p. 89-119.

BHERING, L. L.; BARRERA, C. F.; ORTEGA, D.; LAVIOLA, B. G.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B.; CRUZ, C. D. Differential response of *Jatropha* genotypes to different selection methods indicates that combined selection is more suited than other methods for rapid improvement of the species. **Industrial Crops and Products**, v. 41, p. 260-265, 2013.

BIABANI, A.; RAFII, M. Y.; SALEH, G. B.; SHABANIMOFRAD, M.; LATIF, M. A. Phenotypic and genetic variation of *Jatropha curcas* L populations from different countries **Maydica**, v. 57, p. 164-174, 2012.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Plano nacional de agroenergia 2006-2011**. Brasília, DF: MAPA, 2006, 118p.

BRASILEIRO, B. P.; SILVA, S. A.; SOUZA, D. R.; SANTOS, P. A.; OLIVEIRA, R. S.; LYRA, D. H. Genetic diversity and selection gain in the physic nut (*Jatropha curcas*). **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 2341-2350, 2013.

CARDOSO, P. M. R. **Controle genético de caracteres e seleção em *Jatropha curcas* L.** DFT/UFV, Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 51p, 2014.

CRUZ, C. D. **Genes versão 2006.4.1: programa Genes versão Windows.** Viçosa, MG: Editora UFV, 2006, 382p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S; REZAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4 ed., v.1, Viçosa, MG: Editora UFV, 2012, 514p.

DAS, S.; MISRA, R. C.; MAHAPATRA, A. K.; GANTAYAT, B. P.; PATTNAIK, R. K. Genetic Variability, Character Association and Path Analysis in *Jatropha curcas*. **World Applied Sciences Journal**, v. 8, n. 11, p. 1304-1308, 2010.

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

DIAS, L. A. S.; MULLER, M.; FREIRE, E. (2008) Potencial do uso de oleaginosas arbóreas em sistemas silvipastoris. In: FERNANDES EM, PACIULLO DSC, CASTRO CRT, MULLER MD, ARCURI PB, CARNEIRO JC (Org.) **Sistemas agrossilvipastoris na América do Sul: desafios e potencialidades** (Ed.). Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2008, p. 283-314.

DIAS, L. A. S.; MISSO, R. F.; RIBEIRO, R. M.; FREITAS, R. G.; DIAS, P. F. S. Agrocombustíveis: perspectivas futuras. **Bahia: Análise & Dados**, v. 18, n. 4, p. 539-547, 2009.

DIAS, L. A. S.; MISSIO, R. F.; DIAS, D. C. F. S. Antiquity, botany, origin and domestication of *Jatropha curcas* (Euphorbiaceae), a plant species with potential for biodiesel production. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 2719-2728, 2012.

DIVAKARA, B. N.; UPADHYAYA, H. D.; WANI, S. P.; LAXMIPATHI, GOWDA, C. L. Biology and genetic improvement of *Jatropha curcas* L.: a review. **Applied Energy**, v. 87, p. 732-742, 2010.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Essex: Longman, 1996, 464p.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; BRAGANÇA, S. M.; FERRÃO, G. M. A. G.; MUNER, L. H. **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, 702p.

FRANCIS, G.; EDINGER, R.; BECKER, K. A concept for simultaneous wasteland reclamation, fuel production, and socioeconomic development in degraded areas in India: need, potential and perspectives of *Jatropha* plantations. **Natural Resources Forum**, v. 29, p. 12-24, 2005.

FREITAS, R. G.; MISSIO, R. F.; MATOS, F. S.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. (2011) Genetic evaluation of *Jatropha curcas*: an important oilseed for biodiesel production. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, n. 3, p. 1490-1498, 2011.

FRESNEDO-RAMÍREZ, J.; OROZCO-RAMÍREZ, Q. Diversity and distribution of genus *Jatropha* in Mexico. **Genet Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1087-1104, 2013.

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

GINWAL, H. S.; PHARTYAL, S. S.; RAWAT, P. S.; SRIVASTAVA, R. L. Seed source variation in morphology, germination and seedling growth of *Jatropha curcas* Linn. in Central India. **Silvae Genetica**, v. 54, p. 76-80, 2005.

HELLER, J. **Physic nut (*Jatropha curcas* L.)**. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops 1. Roma: IBPGR, 1996, 66p.

HOLANDA, A. **Cadernos de altos estudos - biodiesel e inclusão social**. Câmara dos Deputados, Brasília, 2004, 189p.

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

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; OLIVEIRA RABELLO, H.; RESENDE, M. D. V. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 61, p. 25, 2010.

JUHÁSZ, A. C. P.; RESENDE, M. D. V.; LAVIOLA, B. G.; COSTA, M. R. Melhoramento genético de *Jatropha curcas*: considerações e metodologias. In: RESENDE JCF, LONDE LN, NEVES WS (Ed.) **Pinhão-manso**. Nova Porteirinha: Epamig - Capítulo em livro técnico-científico (ALICE), 2013, cap. 89-152, p. 524.

KAUSHIK, N.; KUMAR, K.; KUMAR, S.; KAUSHIK, N.; ROY, S. Genetic variability and divergence studies in seed traits and oil content of *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.) accessions. **Biomass and Bioenergy**, v. 31, p. 497-502, 2007.

LAVIOLA, B. G.; DIAS, L. A. S. Teor e acúmulo de nutrientes em folhas e frutos de pinhão-manso. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 32, p. 1969-1975, 2008.

LAVIOLA, B. G.; ROCHA, J. D.; KOBAYASHI, A. K.; ROSADO, T. B.; BHERING, L. L. Genetic improvement of *Jatropha* for biodiesel production. **Ceiba**, v. 51, p. 1-10, 2010.

LAVIOLA, B. G.; ALVES, A. A.; GURGEL, F. L.; ROSADO, T. B.; ROCHA, R. B.; ALBRECHT, J. C. Estimates of genetic parameters for physic nut traits based in the germplasm two years Evaluation. **Ciência Rural**, v. 42, n. 3, p. 429-435, 2012.

MACEDO, R. L. G. **Princípios básicos para o manejo sustentável de sistemas agroflorestais**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2000, 157p.

MAURYA, R.; VERMA, S.; GUPTA, A.; SINGH, B.; KUMAR YADAV, H. Genetic variability and divergence analyses in *Jatropha curcas* based on floral and yield traits. **Genetika**, v. 45, n. 3, p. 655-666, 2013.

MATOS, F. S.; OLIVERIA, L. R.; FREITAS, R. G.; EVARISTO, A. B.; MISSIO, R. F.; CANO, M. A. O.; DIAS, L. A. S. Physiological characterization of leaf senescence of *Jatropha curcas* L. populations. **Biomass and Bioenergy**, v. 45, p. 57-64, 2012.

MARQUES, D. A.; FERRARI, R. A. O papel das novas biotecnologias no melhoramento genético do pinhão manso. **Palestra Biológico**, v. 70, n. 2, p. 65-67, 2008.

MISHRA, D. K. Selection of candidate plus phenotypes of *Jatropha curcas* L. using method of paired comparisons. **Biomass and Bioenergy**, v. 33, p. 542-545, 2009.

NOGUEIRA, L. A. H.; LORA, E. E. S.; TROSSERO, M. A.; FRISK, T. **Dendroenergia: fundamentos e aplicações**. Brasília: ANEEL, 2000, 144p.

NEGUSSIE, A.; ACHTEN, W. M. J.; VERBOVEN, H. A. F.; AERTS, R.; SLOAN, R.; HERMY, M.; MUYS, B. Conserving Open Natural Pollination Safeguards *Jatropha* Oil Yield and Oil Quality. **Bioenergy Research** 2014. DOI 10.1007/s12155-014-9518-5

OLIVEIRA, V. D.; RABBANI, A. R. C.; SILVA, A. V. C.; LÉDO, A. S. Genetic variability in physic nuts cultivated in Northeastern Brazil. **Ciência Rural**, v. 43, n. 6, p. 978-984, 2013.

OSORIO, L. R. M.; SALVADOR, A. F. T.; JONGSCHAAP, R. E. E.; PEREZ, C. A. Z.; SANDOVAL, J. E. B.; TRINDADE, L. M.; VISSER, R. G. F.; VAN LOO, E. N. High level of molecular and phenotypic biodiversity in *Jatropha curcas* from Central America compared to Africa, Asia and South America. **BMC Plant Biology**, v. 14, p. 77, 2014.

OVANDO-MEDINA, I.; SÁNCHEZ-GUTIÉRREZ, A.; ADRIANO-ANAYA, L.; ESPINOSA-GARCÍA, F.; NÚÑEZ-FARFÁN, J.; SALVADOR-FIGUEROA, M. Genetic diversity in *Jatropha curcas* populations in the state of Chiapas, Mexico. **Diversity**, v. 3, p. 641-659, 2011.

PECINA-QUINTERO, V.; ANAYA-LÓPEZ, J. L.; ZAMARRIPA-COLMENERO, A.; NÚÑEZ-COLÍN, C. A.; MONTES-GARCÍA, N.; SOLÍS-BONILLA, J. L.; JIMÉNEZ-BECERRIL, M. F. Genetic structure of *Jatropha curcas* L. in Mexico and probable centre of origin. **Biomass and Bioenergy**, v. 60, p. 147-155, 2014.

PEIXOTO, A. R. **Plantas oleaginosas arbóreas**. São Paulo: Nobel, 1973, 284p.

PNPB (2014) **Programa nacional de produção e uso do biodiesel**. Brasília, DF, Disponível em <<http://www.mme.gov.br/programas/biodiesel>>. Acesso em 20/12/2014.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952, 390p.

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

RAM, S. G., PARTHIBAN, K. T.; KUMAR, R. S.; THIRUVENGADAM, V.; PARAMATHMA, M. Genetic diversity among *Jatropha* species as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 55, p. 803-809, 2008.

RAMALHO, M. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P **Genética na agropecuária**. 4 ed., Lavras: Editora UFLA, 2008, 464p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002, 975p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007a, 561p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN - REM/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007b, 360p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO, R. M.; DIAS, L. A. S.; BERGER, P. G.; DIAS, D. C. F. S. **Agroenergia na mitigação das mudanças climáticas globais, na segurança energética e na promoção social**. Viçosa: Editora Suprema, 2011, 201p.

RICCI, A.; CHEKHOVSKIY, K.; AZHAGUVEL, P.; ALBERTINI, E.; FALCINELLI, M.; SAHA, M. Molecular Characterization of *Jatropha curcas* Resources and Identification of Population-Specific Markers. **Bioenergy Research**, v.5, p. 215, 2012.

ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; LAVIOLA, B. G.; SILVA, F. C. G.; MILITÃO, J. S. L. T. (2012) Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-manso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p. 44-50, 2012.

SHABANIMOFRAD, M.; RAFII, M. Y.; MEGAT WAHAB, P. E.; BIABANI, A. R.; LATIF, M. A. Phenotypic, genotypic and genetic divergence found in 48 newly collected Malaysian accessions of *Jatropha curcas* L.. **Industrial and Crop Products**, v. 42, p. 543-551, 2013.

SATURNINO, H. M.; PACHECO, D. D.; KAKIDA, J.; TOMINAGA, N.; GONÇALVES, N. P. Cultura do pinhão manso (*Jatropha curcas* L.). **Informe Agropecuário**, v. 26, p. 44-78, 2005.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; ZINSLY, J.R. Relative genetic potential of brachytic maize varieties as breeding populations. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 8, n. 3, p. 523-533, 1995.

SPINELLI, V. M.; ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; MARCOLAN, A. L.; VIEIRA JÚNIOR, J. R.; FERNANDES, C. F.; MILITÃO, J. S. L. T. A.; DIAS, L. A. S. (2010). Primary and secondary yield components of the oil in physic nut (*Jatropha curcas* L.). **Ciência Rural**, v. 40, n. 8, p. 1752-1758, 2010.

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

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

TRIPATHI, A.; MISHRA, D. K.; SHUKLA, J. K. Genetic variability, heritability and genetic advance of growth and yield components of *Jatropha* (*Jatropha curcas* Linn.) genotypes. **Trees**, v. 27, p. 1049-1060, 2013.

TOMINAGA, N.; KAKIDA, J.; YASUDA, E. K. **Cultivo de pinhão manso para produção de biodiesel**. Viçosa: CPT, 2007, 220p. (Série Agroindústria).

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992, 486p.

WANI, S. P.; OSMAN, M.; D'SILVA, E.; SREEDEVI, T. K. (2006) Improved livelihoods and environmental protection through biodiesel plantations in Asia. **Asian Biotechnology and Development Review**, v. 8, n. 2, p. 11-29, 2006.

WANI, T. A.; KITCHLU, S.; RAM, G. Genetic variability studies for morphological and qualitative attributes among *Jatropha curcas* L. accessions grown under subtropical conditions of North India. **South African Journal of Botany**, v. 79, p. 102-105, 2012.