

**QUANTIFICAÇÃO DA VARIBILIDADE GENÉTICA ENTRE
PROCEDÊNCIAS E FAMÍLIAS DE PINHÃO MANSO (*Jatropha curcas* L.)¹**

Adriano Ramos dos SANTOS²
Ueliton Oliveira de ALMEIDA²
André Rostand RAMALHO³
Fábio Medeiros FERREIRA⁴
José Roberto Vieira JUNIOR³
Cléberson de Freitas FERNANDES³
Rodrigo Barros ROCHA³

Por ser considerado um cultivo em domesticação, avaliações da variabilidade e do controle genético dos componentes de produção do pinhão manso (*Jatropha curcas*) são especialmente importantes. Trabalhos recentes de quantificação da variabilidade entre acessos dessa oleaginosa mostraram resultados divergentes entre as análises de marcadores moleculares, que quantificaram baixa divergência genética, e as avaliações de campo, que quantificaram significativa divergência genética entre acessos. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre acessos de pinhão manso de 24 meses de plantio, visando fornecer subsídios para a seleção de plantas. As estimativas de distância genética entre os acessos foram obtidas utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, a partir da caracterização de 240 acessos estruturados em 16 famílias e 4 procedências; em delineamento de blocos casualizados com informação dentro de parcela, com três repetições de quatro plantas. Foram mensuradas médias de altura de plantas de 2,03 m, volume de copa de 1,20 m³, número de ramos primários igual a 11, número de cachos igual a 40 e número de frutos por cacho igual a 6. A projeção das distâncias no plano mostrou que as estimativas de variabilidade genética entre e dentro de famílias e procedências foram de magnitude semelhantes, sugerindo semelhança genética entre acessos de uma mesma procedência. Somente as características, número de frutos por cacho, número de ramos e altura apresentaram diferença significativa entre procedências e famílias de acordo com o teste F a 1% de probabilidade. Embora a característica número de frutos não tenha discriminado as procedências e famílias, a divergência devido ao número de ramos deverá, com o desenvolvimento das plantas, contribuir para diferença em sua produtividade. Pela decomposição da distância de Mahalanobis foi possível verificar que o número de ramos foi a característica que mais contribuiu para a divergência entre os acessos.

¹ Pesquisa com financiamento do CNPq como parte das atividades do projeto “Desenvolvimento de tecnologia para a produção de matéria-prima visando à produção de biocombustíveis no Estado de Rondônia” ² Estudantes de graduação, estagiários do projeto, ³ Pesquisadores da Embrapa Rondônia, ⁴Professor adjunto da Universidade Federal do Amazonas.

Palavras-chave: pinhão manso, divergência genética, acessos.