



Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal no Semiárido

Estimativas de parâmetros genéticos e seleção em famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. em três safras

JOSEILTON FARIA SILVA

2020

JOSEILTON FARIA SILVA

Estimativas de parâmetros genéticos e seleção em famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. em três safras

Tese apresentada à Universidade Estadual de Montes Claros, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal no Semiárido, área de concentração em Produção Vegetal, para obtenção do título de Doutor.

Orientadora

Prof^a. Dr^a. Silvia Nietsche

**Janaúba
2020**

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

Silva, Joseilton Faria

S586e Estimativas de parâmetros genéticos e seleção em famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. em três safras [manuscrito] / Joseilton Faria Silva – 2020.
76 p.

Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal no Semiárido, Universidade Estadual de Montes Claros – Janaúba, 2020.

Orientadora: Prof^a. D. Sc. Sílvia Nietsche.

1. Biodiesel. 2. Interação genótipo-ambiente. 3. Pinhão-manso. I. Nietsche, Sílvia.
II. Universidade Estadual de Montes Claros. III. Título.

CDD. 633.85

JOSEILTON FARIA SILVA

Estimativas de parâmetros genéticos e seleção em famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. em três safras

Tese apresentada à Universidade Estadual de Montes Claros, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal no Semiárido, área de concentração em Produção Vegetal, para obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 29 de maio de 2020.

Prof^a. Dr^a. Silvia Nietsche
UFMG (Orientadora)

Prof. Dr. Samy Pimenta
UNIMONTES (Coorientador)

Prof. Dr. Marlon Cristian Toledo Pereira
UNIMONTES (Conselheiro)

Prof. Dr. Alcinei Místico Azevedo
UFMG (Conselheiro)

Prof^a. Dr^a. Márcia Regina Costa
UFVJM (Conselheira)

Janaúba-MG
2020

*À minha família, à Renata minha esposa, aos meus filhos Melyssa Júlia e Pedro Samuel,
Aos meus pais, Ana Júlia e José Raimundo, aos meus irmãos Joseane, Janilson, Paulo e Dé,
pelo incentivo, companheirismo, carinho e amor
e a todos aqueles que me apoiaram,
Dedico.*

AGRADECIMENTOS

Ao glorioso Deus que está comigo o tempo todo;

À minha família, pelo amor, apoio e incentivo;

À Universidade Estadual de Montes Claros – UNIMONTES, pelo meu trabalho, pelas oportunidades e por minha formação intelectual;

Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal no Semiárido – PPGPVS, pela importância de proporcionar minha qualificação;

À CAPES, FAPEMIG e CNPq pelo apoio financeiro;

À minha orientadora, professora Sílvia Nietzsche, pela confiança, amizade, orientação, compreensão e apoio,

Ao professor Samy Pimenta, pela orientação, ensinamentos e contribuição no desenvolvimento deste trabalho;

Ao professor Marlon Cristian Toledo Pereira, pelos ensinamentos, apoio e orientação;

Ao professor Alcinei Místico Azevedo, pela sua contribuição valorosa em nosso trabalho;

À toda equipe de trabalho, pela ajuda na execução do experimento, pelo companheirismo e pelas risadas compartilhadas;

Aos amigos do grupo de fruticultura da UNIMONTES, pelo auxílio no experimento, meu muito obrigado;

Aos meus colegas servidores e funcionários da UNIMONTES, pelo auxílio e cooperação na realização deste trabalho;

Enfim, a todos que me ajudaram e contribuíram direta ou indiretamente para realização deste trabalho!

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	viii
ABSTRACT GENERAL	ix
INTRODUÇÃO GERAL	10
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	12
CAPÍTULO I	14
PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS COM SELEÇÃO EM FAMÍLIA DE IRMÃOS COMPLETOS DE <i>JATROPHA CURCAS</i> L. PARA CARACTERES VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS EM TRÊS SAFRAS	14
RESUMO.....	15
ABSTRACT.....	16
1. INTRODUÇÃO.....	17
2 MATERIAL E MÉTODOS	19
2.1 Localização da área experimental.....	19
2.2 Material genético e obtenção das progênes de irmãos completos	19
2.3 Delineamento experimental e manejo cultural.....	20
2.4 Caracteres avaliados	20
2.4.1 Caracteres vegetativos.....	20
2.4.2 Caracteres reprodutivos.....	21
2.5 Análises genético-estatísticas	22
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
3.1 Seleção para potenciais genitores	32
3.1.1 Famílias como potenciais genitores.....	33
3.1.2 Seleção individual para potenciais genitores.....	39
3.2 Seleção para potenciais clones	41
3.2.1 Famílias como potenciais clones	42
3.2.2 Seleção individual para potenciais clones.....	47
4 CONCLUSÕES.....	50
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51
CAPÍTULO II	56
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES PRODUTIVOS EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE PINHÃO MANSO.	56
RESUMO.....	57
ABSTRACT.....	58
1 INTRODUÇÃO	59
2. MATERIAL E MÉTODOS	61
2.1 Localização da área experimental.....	61
2.2 Material genético e obtenção das progênes de irmãos completos	61
2.3 Delineamento experimental e manejo cultural.....	62
2.4 Caracteres avaliados	62
2.5 Análises genético-estatísticas	63

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	64
3.1 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual) para clones	66
3.2 Seleção das famílias para clones e genitores.....	67
3.3 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual) para genitores.....	68
4 CONCLUSÕES.....	71
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72
5 CONCLUSÃO GERAL.....	76

RESUMO GERAL

SILVA, Joseilton Faria. **Estimativas de Parâmetros Genéticos e Seleção em Famílias de Irmãos Completos de *Jatropha curcas* L. em três safras.** 2020. 76 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal no Semiárido) - Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba – MG.

O acentuado uso de fontes renováveis de energia impulsionada pela crescente demanda energética mundial, somada as constantes elevações do preço do petróleo especialmente pelas mudanças climáticas em nível global, tornaram o Brasil reconhecido mundialmente como o líder na produção de bioetanol, e mais recentemente, na produção de biomassa para biodiesel. O melhoramento do pinhão manso é muito recente e poucos grupos de pesquisa no mundo tem se dedicado a espécie. Em determinadas espécies de plantas não é possível obter populações segregantes derivadas de linhagens endogâmicas, devido à autoincompatibilidade, depressão endogâmica ou longo período juvenil. Dessa forma, em tais espécies é preciso empregar delineamentos genéticos de populações exogâmicas como Famílias de Meios-Irmãos (FMI) e Famílias de Irmãos Completos (FIC). Nesse sentido, objetivou-se através deste trabalho, estimar os parâmetros genéticos e ganhos genéticos em famílias de irmãos completos (FIC) de *Jatropha curcas*; indicar as melhores famílias e progênies que possa contribuir com o programa de melhoramento genético dessa espécie. Foram realizados seis cruzamentos biparentais que originaram seis famílias (A, B, C, D, E e F) de irmãos-completos com 18 indivíduos em cada família. As características vegetativas e reprodutivas possuem baixa variabilidade genética, com baixas magnitudes para as variâncias genéticas e para as herdabilidades. Para a característica vegetativa, diâmetro médio de ramos (DRP), os mesmos indivíduos selecionados podem ser usados tanto para genitores como para clones. A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para os caracteres vegetativos as progênies pertencentes à família C. A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para a característica reprodutiva, número de inflorescências (NIF), as progênies pertencentes à família D.

Palavras-chave: herdabilidade, pinhão manso, melhoramento genético, progênies irmãos completos, biodiesel.

GENERAL ABSTRACT

SILVA, Joseilton Faria. **Estimates of Genetic Parameters and Selection in Families of Complete Siblings of *Jatropha curcas* L. in three harvests.** 2020. 76 p. Thesis (Doctor's Degree in Plant Production in the Semiarid Region) - State University of Montes Claros, Janaúba - MG

The marked use of renewable energy sources, driven by the growing global energy demand, added to the constant increases in oil prices and especially by climate changes at a global level, have made Brazil recognized worldwide as the leader in bioethanol production, and more recently, in production of biomass for biodiesel. The improvement of physic nut is very recent and few research groups in the world have been dedicated to the species. In certain plant species it is not possible to obtain segregating populations derived from inbreeding lines, due to self-incompatibility, inbreeding depression, or a long youthful period. Thus, in such species it is necessary to employ genetic designs of exogamous populations such as Families of Half Brothers (IMF) and Families of Full Brothers (FIC). In this sense, the objective of this work was to estimate the genetic parameters and genetic gains in families of complete siblings (FIC) of *Jatropha curcas*; indicate the best families and progenies that can contribute to the genetic improvement program of this species. Six biparental crossings were carried out that originated six families (A, B, C, D, E and F) of complete siblings with 18 individuals in each family. Vegetative and reproductive characteristics have low genetic variability, with low magnitudes for genetic variances and heritabilities. For the vegetative characteristic, mean branch diameter (DRP), the same selected individuals can be used for both parents and clones. The individual selection of progenies with the potential to be parents or for new clones indicated for the vegetative characters the progenies belonging to the C family. The individual selection of progenies with the potential to be parents or for new clones indicated for the reproductive characteristic, number of inflorescences (NIF), progenies belonging to family D.

Keywords: heritability, physic nut, genetic improvement, complete sibling progenies, biodiesel.

INTRODUÇÃO GERAL

O intenso do uso de fontes renováveis de energia provocada pela crescente demanda energética mundial, somada às constantes elevações do preço do petróleo e especialmente pelas mudanças climáticas em nível global tornaram o Brasil reconhecido mundialmente como o líder na produção de bioetanol, e na produção de biomassa para biodiesel (BRITTAINE e LUTALADIO, 2010).

O pinhão manso (*Jatropha curcas* L.), encontrado em quase todas as regiões intertropicais de ocorrência natural em todo o território brasileiro, é considerado uma promissora oleaginosa, como alternativa para a produção de biodiesel, com perspectiva de produzir acima de 1.200 kg de óleo/ha (LAVIOLA et al., 2014). A espécie é classificada como semidomesticada (ACHTEN et al., 2010) e para atingir o status de domesticada uma série de trabalhos e estudos deverão ser conduzidos, especialmente sobre a diversidade genética afim de subsidiar programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de variedades com alto potencial produtivo.

Em várias regiões do mundo e em especial no Brasil, em grande parte dos plantios comerciais os materiais vegetais implantados são geneticamente desconhecidos, desuniformes e não possuem garantias mínimas quanto à adaptabilidade ambiental e produtividade de cada genótipo (DIAS et al., 2007; RAO et al., 2008).

O melhoramento do pinhão manso é muito recente e poucos grupos de pesquisa no mundo tem se dedicado a espécie. Um dos primeiros e mais relevantes passos está na avaliação do germoplasma e caracterização da variabilidade genética, principalmente dos caracteres associados à produção de óleo como: massa e número de sementes, teor de óleo, sincronização da maturação dos frutos, tamanho da planta, resistência a pragas e doenças, quantidade de ácidos graxos livres e produtividade (ALVES et al., 2015, LAVIOLA et al., 2013b).

O procedimento genético-estatístico que melhor se aplica ao estudo de espécies perenes, principalmente em frutíferas, é a máxima verossimilhança restrita (REML, *Restricted Maximum Likelihood*) e a melhor predição linear não viesada (BLUP- *Best Linear Unbiased Prediction*) pela metodologia dos Modelos Mistos (REML/BLUP) (RESENDE, 2002).

Entretanto, em determinadas espécies de plantas não é possível obter populações segregantes derivadas de linhagens endogâmicas, devido à autoincompatibilidade, depressão endogâmica ou longo período juvenil (BHERING, 2013). Dessa forma, em tais espécies é

preciso empregar delineamentos genéticos de populações exogâmicas como: Famílias de Meio Irmãos (FMI) e Famílias de Irmãos Completos (FIC).

O pinhão-mansão apresenta monoiccia e protandria, com flores unisexuais e ocasionalmente ocorrem flores hermafroditas que podem ser autofecundadas (KUMAR e SHARMA, 2008). Em condições naturais a polinização de *Jatropha* spp. é entomófila (HELLER, 1996), o que favorece a fecundação cruzada ou xenogamia. Divakara et al. (2010) consideram *J. curcas* como tendente à polinização cruzada, mas com elevados níveis de geitonogamia e apomixia (FRANCIS et al., 2020; NIETSCHKE et al., 2014).

Considerando as particularidades do sistema reprodutivo da espécie, os estudos mais recentes reportam o uso de famílias meios-irmãos com significativos ganhos na seleção, desde produtividade e estabilidade ao longo do tempo (SPINELLI et al., 2015), com interação significativa entre genótipo e ambiente, quanto à produção de grãos e seleção das melhores famílias nos diferentes ambientes (LAVIOLA et al., 2014).

Entretanto, estimativas de parâmetros genéticos em famílias de irmãos completos (FIC) em *Jatropha curcas* são escassos e não temos conhecimento dos efeitos do uso desta estratégia de acasalamento aparentado e os efeitos da endogamia sobre os ganhos genéticos. Assim sendo esta pesquisa tem por objetivo estimar parâmetros genéticos em famílias progênes de irmãos completos de *Jatropha curcas* para fins de seleção e fornecer subsídios para o programa de melhoramento genético dessa espécie.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACHTEN, W. M. J.; NIELSEN, L. R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A. G.; KJAER, E. D.; TRABUCCO, A.; HANSEN, J. K.; MAES, W. H.; GRADUAL, L.; AKINNIFESI, F. K.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Journal Biofuels**, Decatur, v. 1, n. 1, p. 91-107, 2010.
- ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; FORMIGHIERI, E. F.; CARELS, N. Perennial plants for biofuel production: bridging genomics and field research. **Biotechnology Journal**, Weinheim, v. 10, n. 4, p. 505-507, 2015. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/biot.201400201>. Acesso em: 10 maio 2020.
- 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, Jan. 2013. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/71682/1/Industrial-crops.pdf>. Acesso em: 22 maio 2020.
- BRITTAINE, R.; LUTALADIO, N. **Jatropha**: a smallholder bioenergy crop: the potential for pro-poor development. Rome: FAO, 2010. p. 1-12. *Integrated Crop Management*, v. 8.
- 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: Ed. UFV, 2007.
- DIVAKARA, B. N.; UPADHYAYA, H. D.; WANI, S. P.; GOWDA, C. L. L. Biology and genetic improvement of *Jatropha curcas*L.: a review. **Applied Energy**, London, v. 87, n. 3, p. 732-742, 2010. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/222705613_Biology_and_genetic_improvement_of_Jatropha_curcas_L_A_review. Acesso em: 20 maio 2020.
- HELLER, J. **Physic nut. *Jatropha curcas* L. promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops**. Rome: Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 1996.
- KUMAR, A.; SHARMA, S. An evaluation of multipurpose oil seed crop for industrial uses (*Jatropha curcas*): a review. **Industrial Crops and Products**, v. 28, n. 1, p. 1-10, 2008. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/222689791_An_evaluation_of_multipurpose_oil_seed_crop_for_industrial_uses_Jatropha_curcas_L_A_review. Acesso em: 10 maio 2020.
- LAVIOLA, B. G.; OLIVEIRA, A. M. C.; BHERING, L. L.; ALVES, A. A.; ROCHA, R. B.; GOMES, B. E. L.; CRUZ, C. D. Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing the degree of certainty in predicting the best families. **Industrial Crops and Products**, v. 51, p. 70-76, Nov. 2013b. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669013004330>. Acesso em: 10 maio 2020.

LAVIOLA, B. G.; SILVA, S. D. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; ROCHA, R. B.; OLIVEIRA, R. J. P. de; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agrônômico e ganho genético pela seleção de pinhão-mansão em três regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 5, p. 356-363, maio 2014. Disponível em: <https://www.scielo.br/pdf/pab/v49n5/0100-204X-pab-49-05-0356.pdf>. Acesso em: 22 maio 2020.

NIETSCHE, S.; VENDRAME, W. A.; CRANE, J. H.; PEREIRA, M. C. T. Assessment of reproductive characteristics of *Jatropha curcas* L. in South Florida. **GCB Bioenergy**, v. 6, n. 4, p. 351-359, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/gcbb.12051>. Acesso em: 10 maio 2020.

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**, Berlin, v. 22, n. 5, p. 697-709, Jan. 2008. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/225735003_Genetic_associations_variability_and_diversity_in_seed_characters_growth_reproductive_phenology_and_yield_in_Jatropha_curcas_L_accessions. Acesso em: 28 jan. 2020.

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

SPINELLI, V. M.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, v. 69, p. 355-361, July 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669015001193>. Acesso em: 10 maio 2020.

CAPÍTULO I

Parâmetros genéticos e ganhos com seleção em família de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. para caracteres vegetativos e reprodutivos em três safras

RESUMO

SILVA, Joseilton Faria. **Parâmetros genéticos e ganho com seleção em família de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. para caracteres vegetativos e reprodutivos em três safras.** 2020. Cap. I. 76 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal no Semiárido) - Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba – MG.

Os resultados apresentados no presente estudo são o primeiro relato de estimativas de parâmetros genéticos e ganhos com seleção em progênies de irmãos completos em *J. curcas*. O presente trabalho objetivou-se estimar parâmetros genéticos em seis progênies de irmãos completos de *Jatropha curcas* durante três safras para fins de seleção e obter as estimativas de ganhos genéticos com a seleção para progênies e clones. O ensaio em campo foi composto por seis famílias de irmãos-completos (A, B, C, D, E e F) e seguiu o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e seis plantas por parcela. As variáveis coletadas no presente estudo foram referentes aos anos de 2016, 2017 e 2018. Os caracteres foram analisados e estimados via Modelos Mistos para estimativa de parâmetros genéticos via REML e para predição de ganhos com a seleção via BLUP. Conclui-se que as características vegetativas e reprodutivas possuem baixa variabilidade genética com baixas magnitudes para as variâncias genéticas e as herdabilidades e forte influência ambiental. Para a característica vegetativa, diâmetro médio de ramos (DRP), os mesmos indivíduos selecionados podem ser usados tanto para genitores como para clones. A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para os caracteres vegetativos as progênies pertencentes à família C. A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para a característica reprodutiva, número de inflorescências (NIF), as progênies pertencentes à família D.

Palavras-chave: herdabilidade, pinhão manso, melhoramento genético, progênies, biodiesel.

ABSTRACT

SILVA, Joseilton Faria. **Genetic parameters and gain with family selection of complete siblings of *Jatropha curcas* L. for vegetative and reproductive traits in three harvests.** 2020. Chap. I. 76 p. Thesis (Doctor's Degree in Plant Production in the Semi-Arid Region) - State University of Montes Claros, Janaúba - MG.

The results presented in this study are the first report of estimates of genetic parameters and gains with selection in progenies of complete siblings in *J. curcas*. The present study aimed to estimate genetic parameters in six progenies of complete siblings of *Jatropha curcas* during three harvests for selection purposes and obtain estimates of genetic gains with selection for progenies and clones. The field trial was composed of six families of complete siblings (A, B, C, D, E and F) and followed the randomized block design, with three replicates and six plants per plot. The variables collected in the present study were for the years 2016, 2017 and 2018. The characters were analyzed and estimated via Mixed Models to estimate genetic parameters via REML and to predict gains from selection via BLUP. It is concluded that the vegetative and reproductive characteristics have low genetic variability with low magnitudes for genetic variances and heritabilities and strong environmental influence. For the vegetative characteristic, mean branch diameter (DRP), the same selected individuals can be used for both parents and clones. The individual selection of progenies with the potential to be parents or for new clones indicated for the vegetative characters the progenies belonging to the C family. The individual selection of progenies with the potential to be parents or for new clones indicated for the reproductive characteristic, number of inflorescences (NIF), progenies belonging to family D.

Keywords: heritability, jatropha, genetic improvement, progenies, biodiesel.

1. INTRODUÇÃO

Os estudos sobre melhoramento genético do pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) são bastante recentes. A espécie ainda carrega o status de semi domesticada e nos últimos anos os esforços da comunidade científica busca elucidar questões sobre a diversidade genética, biologia floral e reprodutiva e estratégias de melhoramento genético visando incrementar características físico-químicas do óleo bem como a produção (LAVIOLA et al., 2014; TIWARI et al., 2007; LAVIOLA; RODRIGUES, 2019).

Apesar do grande potencial para produção de um óleo de excelente qualidade, os materiais genéticos disponíveis ainda não apresentam os atributos morfoagronômicos estabilizados e fixados, tornando o cultivo destes um problema para a exploração comercial em larga escala (ROCHA et al., 2012).

O pinhão manso dispõe de um sistema reprodutivo complexo, é caracterizado como uma espécie alógama, mas diversos estudos apontam elevados níveis de geitonogamia e apomixia (KUMAR e SHARMA, 2008; DIVAKARA et al., 2010; FRANCIS et al., 2020, NIETSCHKE et al., 2014). O conhecimento acerca da biologia floral e reprodutiva da espécie permite ao melhorista um planejamento acerca da seleção de genitores, sincronismo do florescimento e realização das hibridações com maior efetividade.

No melhoramento genético de plantas perenes, categoria da qual o pinhão manso faz parte, é primordial o encurtamento dos ciclos seletivos e diminuição do tempo para lançamento de cultivares. Ademais, para que esse processo ocorra de forma eficiente, faz-se necessário o conhecimento em relação à interação entre genótipos, locais e anos. Normalmente, estas espécies apresentam vários aspectos biológicos peculiares como: sobreposição de gerações, ciclo reprodutivo longo, reprodução sexuada e assexuada e expressão dos caracteres ao longo dos anos, diferentemente do que é ocorre em culturas anuais (RESENDE, 2002).

Os estudos publicados relatam que, em geral, para a espécie, a seleção tem sido realizada em programas de melhoramento pela avaliação de progênies de meios-irmãos (SPINELLI et al., 2015; LAVIOLA et al., 2014; LAVIOLA; RODRIGUES, 2019). Não há relatos de desenvolvimento de variedades ou híbridos de *Jatropha* sp., por meio do uso de progênies de irmãos-completos. Portanto, são desconhecidos os aspectos sobre a variabilidade

genética dentro e entre as progênes e como esse componente afeta os parâmetros genéticos e os ganhos com a seleção para os sucessivos ciclos de seleção recorrente.

Dentre os parâmetros genéticos, as estimativas da variância genotípica e da herdabilidade são considerados os mais importantes para a quantificação do potencial de melhoramento da população e para o mérito da estratégia de seleção utilizada (LAVIOLA; RODRIGUES, 2019).

As estimativas de herdabilidade são importantes quanto à magnitude da variação de um determinado caráter: se ele é de origem genética, ou seja, herdável, ou ocorre devido aos efeitos ambientais. Os ganhos genéticos dependem do tipo e do grau da variabilidade genética existente na população e estudos dessa natureza têm sido realizados na cultura do pinhão-manso (BHERING et al., 2013; LAVIOLA et al., 2013b).

Assim, a predição do ganho genético orienta o melhorista a predizer o seu sucesso, selecionar, descartar populações e concentrar esforços na medição de caracteres de maior importância que apresentem maior potencial de ganho. Com o ranqueamento dos indivíduos, com base no valor genético predito, é possível equilibrar os ganhos esperados com o tamanho efetivo da população, evitando a ação da endogamia na população em poucos ciclos de seleção (LAVIOLA; RODRIGUES, 2019).

Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho: (1) estimar parâmetros genéticos em seis progênes de irmãos completos de *Jatropha curcas* durante três safras para fins de seleção; (2) obter as estimativas de ganhos genéticos com a seleção para progênes e clones; e (3) indicar genitores para programas de melhoramento.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização da área experimental

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimentale no Laboratório de Biotecnologia da Universidade Estadual de Montes Claros (UNIMONTES) localizados no município de Janaúba, estado de Minas Gerais, Brasil, situado a uma altitude de 510 m, latitude: 15° 48' 13" S e longitude: 43° 19' 3" O. O clima da região é do tipo Aw (tropical chuvoso, savana com inverno seco), caracterizado por um verão chuvoso e inverno seco, conforme a classificação de Köppen (1948). O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho eutrófico.

2.2 Material genético e obtenção das progênes de irmãos completos

Os genitores utilizados no presente estudo foram selecionados por Moraes (2013) por apresentarem boa produção de sementes, bem como elevada produção de óleo. As hibridações artificiais foram realizadas conforme JUHÁSZ et al. (2009) e foram realizados seis cruzamentos biparentais dando origem a seis famílias de irmãos completos com 18 indivíduos em cada família (Tabela 1).

TABELA 1. Descrição dos cruzamentos realizados em campo para obtenção de seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas*, Janaúba, Brasil.

Família	Genitores/cruzamentos	Município de origem dos genitores	Identificação das progênes
A	Acesso73♀ x Acesso64♂	Janaúba x Araçuaí	A1 a A18
B	Acesso27♀ x Acesso23♂	Janaúba x Janaúba	B1 a B18
C	Acesso27♀ x Acesso74♂	Janaúba x Janaúba	C1 a C18
D	Acesso74♀ x Acesso 64♂	Janaúba x Araçuaí	D1 a D18
E	Acesso 23♀ x Acesso27♂	Janaúba x Janaúba	E1a E18
F	Acesso23♀ x Acesso 56♂	Janaúba x Carbonita	F1 a F18

As sementes obtidas foram coletadas, semeadas em vasos de cinco litros, contendo substrato de esterco bovino, terra, areia, adubo mineral (N-P-K) e distribuído em casa de vegetação. As mudas produzidas em viveiro de telado com 50% de sombreamento foram conduzidas para o plantio em campo seis meses após a semeadura, no mês de abril de 2015.

2.3 Delineamento experimental e manejo cultural

As mudas foram plantadas na Fazenda Experimental da Unimontes. O ensaio em campo foi composto por seis famílias de irmãos completos e seguiu o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e seis plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 4,0 x 2,0 m, a irrigação realizada semanalmente, por microaspersão com um microaspersor por planta, com vazão de 70 L/h, com duração de duas horas. Os tratos culturais (adubação, controle pragas, doenças e ervas daninha) foram executados seguindo recomendação de Rocha (2011). Os dados coletados no presente estudo foram referentes aos anos de 2016, 2017 e 2018.

2.4 Caracteres avaliados

2.4.1 Caracteres vegetativos

As características vegetativas analisadas foram:

Altura de Plantas (AP): medida em centímetros (cm), entre a base do caule (solo) e a extremidade do ramo mais alto;

Diâmetro de Caule (DC): medido o diâmetro do caule principal em centímetros (cm), a uma altura de 10 cm acima do nível do solo;

Diâmetro da copa na entrelinha (DCEL): medição da projeção da copa, em centímetros (cm), na posição da entrelinha de plantio;

Diâmetro da copa entre plantas (DCEP): medição da projeção da copa, em centímetros (cm), na posição entre plantas do plantio;

Número de Ramos/Planta (NR): Contagem de ramos principais ou primários que formam a copa da planta;

Altura da primeira ramificação (AL1R): medida em centímetros (cm), entre a base do caule no nível do solo e inserção do primeiro ramo no caule principal;

Comprimento de ramos primários (CRP) – medição em centímetros (cm), dos três primeiros ramos, a partir da inserção dos ramos no caule principal até a extremidade, e na sequência obtendo-se a média dos três ramos;

Diâmetro de ramos primários (DRP) – medição em centímetros (cm), do diâmetro de três ramos a 5 cm da inserção no caule principal, e na sequência obtendo-se a média dos três ramos.

2.4.2 Caracteres reprodutivos

As colheitas foram realizadas quando os frutos apresentaram a coloração da casca amarronzada ou com a casca do fruto seca. Os frutos e as sementes foram processados e avaliados em laboratório com auxílio de balança semianalítica e paquímetro digital, em seguida armazenado em sacos de papel. A biometria das sementes foi realizada medindo-se duas dimensões: o comprimento (maior dimensão) e a largura (medida perpendicular ao comprimento). O peso de 100 sementes foi obtido conforme a metodologia descrita nas Regras para Análise de Sementes (BRASIL, 2009).

As características analisadas foram:

Número de inflorescências (NIF): contagem de inflorescências presentes na planta;

Número de frutos (NFR): contagem de frutos presentes na planta;

Massa de frutos (MFR): pesagem de frutos colhidos da planta em gramas (g);

Massa de sementes (MCS): pesagem de cem sementes (g);

Comprimento da semente (CS) e largura da semente (LS): medição das dimensões (mm);

Sementes por fruto (SFR): contagem de sementes presentes nos frutos.

2.5 Análises genético-estatísticas

Os caracteres foram analisados via Modelos Mistos para estimativa de parâmetros genéticos via REML e para predição de ganhos com a seleção via BLUP (RESENDE, 2002; 2007), procedimento REML/BLUP.

Os caracteres foram analisados através do modelo estatístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xm} + \mathbf{Za} + \mathbf{Zd} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Qi} + \mathbf{Ts} + \mathbf{e},$$

Em que \mathbf{y} é o vetor de dados, \mathbf{m} é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, \mathbf{a} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), \mathbf{d} é o vetor dos efeitos genéticos de dominância individuais (assumidos como aleatórios), \mathbf{p} é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), \mathbf{i} é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios), \mathbf{s} é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e \mathbf{e} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor \mathbf{m} contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições (RESENDE, 2007).

Foram estimados os componentes de variância:

$$\sigma_g^2 = 0,5 * \sigma_a^2 + 0,25 \sigma_d^2,$$

Onde, σ_g^2 é a variância genética, σ_a^2 é a variância aditiva, σ_d^2 é a variância de dominância, σ_{parc}^2 é a variância entre parcelas, σ_{gm}^2 é a variância da interação genótipos com medições, σ_{perm}^2 é a variância de ambiente permanente, σ_e^2 é a variância residual.

A partir dos componentes de variância foram estimados:

Herdabilidade no sentido restrito entre média de progênies.

$$\mathbf{hr}^2 \mathbf{mediaProg} = \frac{0,5\sigma_a^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{\text{parc}}^2}{J} + \frac{\sigma_{\text{gm}}^2}{L} + \frac{\sigma_{\text{perm}}^2}{JK} + \frac{\sigma_e^2}{JKL}}$$

Herdabilidade no sentido restrito individual para a média de colheita

$$\mathbf{hr}^2 \mathbf{indiv.mediaColheita} = \frac{0,5\sigma_a^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \frac{\sigma_{\text{gm}}^2}{L} + \sigma_{\text{perm}}^2 + \frac{\sigma_e^2}{L}}$$

Herdabilidade no sentido restrito individual dentro da colheita

$$h^2_{\text{indiv.PorColheita}} = \frac{0,5\sigma_a^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Herdabilidade no sentido amplo entre média de progênes

$$h^2_{\text{mediaProg}} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{\text{parc}}^2}{J} + \frac{\sigma_{\text{gm}}^2}{L} + \frac{\sigma_{\text{perm}}^2}{JK} + \frac{\sigma_e^2}{JKL}}$$

Herdabilidade no sentido amplo individual para a média decolheita

$$h^2_{\text{indiv.mediaColheita}} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \frac{\sigma_{\text{gm}}^2}{L} + \sigma_{\text{perm}}^2 + \frac{\sigma_e^2}{L}}$$

Herdabilidade no sentido amplo individual dentro da colheita

$$h^2_{\text{indiv.PorColheita}} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Coefficiente de determinação dos efeitos individual da dominância

$$C^2_{\text{IndivDomi}} = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Coefficiente de determinação dos efeitos das parcelas

$$C^2_{\text{parc}} = \frac{\sigma_{\text{parc}}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Coefficiente de determinação dos efeitos das colheitas

$$C^2_{\text{mediaColheita}} = \frac{\sigma_{\text{gm}}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Coefficiente de determinação dos efeitos permanentes

$$C^2_{\text{perm}} = \frac{\sigma_{\text{perm}}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{\text{parc}}^2 + \sigma_{\text{gm}}^2 + \sigma_{\text{perm}}^2 + \sigma_e^2}$$

Coefficiente de variação residual

$$\mathbf{CVe} = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \right)$$

Coefficiente de variação genotípica

$$\mathbf{CVg} = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \right)$$

Coefficiente de variação relativa

$$\mathbf{CVr} \left(\frac{\mathbf{CVg}}{\mathbf{CVe}} \right) = \frac{\mathbf{CVg}}{\mathbf{CVe}}$$

Coefficiente de variação genética aditiva

$$\mathbf{CVga} = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{X}} \right)$$

Coefficiente variação relativa genética aditiva

$$\mathbf{CVra} \left(\frac{\mathbf{CVga}}{\mathbf{CVe}} \right) = \frac{\mathbf{CVga}}{\mathbf{CVe}}$$

Coefficiente de variação genética de dominância

$$\mathbf{CVgd} = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_d^2}}{\bar{X}} \right)$$

Coefficiente de variação relativa de dominância

$$\mathbf{CVrd} \left(\frac{\mathbf{CVgd}}{\mathbf{CVe}} \right) = \frac{\mathbf{CVgd}}{\mathbf{CVe}}$$

Repetibilidade em nível de média das progênies

$$\mathbf{r.MediasProg} = \frac{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{parc}^2}{J} + \frac{\sigma_{gm}^2}{L} + \frac{\sigma_{perm}^2}{JK}}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{parc}^2}{J} + \frac{\sigma_{gm}^2}{L} + \frac{\sigma_{perm}^2}{JK} + \frac{\sigma_e^2}{JKL}}$$

Repetibilidade individual considerando a média por colheita

$$\mathbf{r.indiv.mediaColheita} = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_{parc}^2 + \frac{\sigma_{gm}^2}{L} + \sigma_{perm}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{parc}^2 + \frac{\sigma_{gm}^2}{L} + \sigma_{perm}^2 + \frac{\sigma_e^2}{L}}$$

Repetibilidade individual por colheita

$$\mathbf{r.indiv.PorColheita} = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_{parc}^2 + \sigma_{gm}^2 + \sigma_{perm}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{parc}^2 + \sigma_{gm}^2 + \sigma_{perm}^2 + \sigma_e^2}$$

Onde: J = número de repetições, K = número de plantas por parcelas, I = número de genótipos, L= número de colheitas. Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do pacote Sommer do programa estatístico R (R DEVELOPMENT TEAM, 2006).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises, referentes às características vegetativas e reprodutivas das seis famílias de irmãos completos de pinhão-manso durante as três primeiras safras são apresentados nas tabelas 2 e 3.

Dentre os parâmetros genéticos avaliados, de maneira geral, a variabilidade genética foi baixa, conforme verificado na variação genotípica (V_a e V_d) e nas herdabilidades estimadas. A característica vegetativa, diâmetro de ramos primários, apresentou o valor de V_a (98,09), entretanto, as herdabilidades observadas foram baixas. Dentre as prováveis causas para os resultados observados destacam-se os aspectos biológicos peculiares de plantas perenes, como: o ciclo reprodutivo longo, oscilação anual de produção, expressão dos caracteres ao longo de vários anos e diferenças em precocidade e longevidade produtiva (SERA, 2001).

A estabilização de produção do pinhão manso, geralmente ocorre no quinto ano após o plantio. Os dados apresentados são referentes à primeira, segunda e terceiras safras, correspondendo aos três primeiros anos após o plantio. Neste período, as plantas avaliadas ainda se encontravam no período de juvenilidade e nesse caso, as estimativas obtidas da variância genética e da herdabilidade foram fortemente influenciadas pelo desenvolvimento incompleto das plantas.

Outro aspecto que merece destaque, e que também pode estar contribuindo com a redução da variabilidade genética, é a pouca diversidade genética entre as progênies já descritas em um estudo sobre a diversidade genética dessas progênies por meio de marcadores ISSR (DUARTE et al., 2018). De acordo com os autores 73,49% da variação total corresponde à variação dentro das progênies e apenas 26,51% é devida a variação entre as progênies de irmãos-completos, demonstrando a pouca divergência entre os genitores utilizados para a obtenção das progênies de irmãos completos.

A variância da interação genótipos x medições (V_{gm}) que analisa o desempenho das famílias em função das variações das medições nas safras; variância entre parcelas (V_{parc}) que verifica o efeito ambiental entre parcelas; variância dos efeitos permanentes do ambiente (V_{perm}) e variância residual (V_e) analisadas na maioria das características vegetativas e reprodutivas apresentou magnitudes baixas, indicando desempenho uniforme das progênies

nas safras. Entretanto para V_{gm} , V_{parc} e V_{perm} os valores observados tiveram maior influência para as características AP, DCEL, DCEP e CRP, enquanto que, para as características reprodutivas NFR e MFR verificam-se maior influência para V_{gm} assim como para V_{parc} , estas tiveram influência de efeitos ambientais e permanentes das progênies ao longo das três safras (Tabelas 2 e 3). De maneira geral, as características vegetativas e reprodutivas avaliadas apresentaram baixas herdabilidades restritas, entre médias de progênies ($hr2médiaProg$), individual para a média de colheita ($hr2indiv.médiaColheita$), individual dentro da colheita ($hr2indiv.PorColheita$). Os caracteres, vegetativo DRP e o reprodutivo NIF apresentaram os maiores valores entre todas herdabilidades restritas, mencionadas acima (Tabelas 2 e 3). As baixas estimativas obtidas nas demais características podem ser atribuídas ao comportamento puramente quantitativo desses caracteres, que são governados por muitos genes e são fortemente influenciados pelos componentes ambientais e, conseqüentemente, levam a uma diminuição da relação entre a variância genética e fenotípica.

As estimativas da variância genotípica e de herdabilidade são os parâmetros mais importantes para a quantificação do potencial de melhoramento da população e para a adoção de estratégias de seleção, com base na alteração dos alelos favoráveis. A magnitude da herdabilidade indica a variação de um determinado caráter: se ele é de origem genética, ou seja, herdável, ou ocorre devido aos efeitos ambientais. A herdabilidade no sentido restrito, que é a razão da variância aditiva pela variância fenotípica é considerada como mais importante para o melhoramento, pois ela quantifica a importância relativa da proporção da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM, 2001).

Segundo Laviola et al. (2012), os ganhos genéticos dependem do tipo e do grau da variabilidade genética existente na população. Estes autores relatam em estudo realizado com acessos conservados em um banco de germoplasma de pinhão-manso para a característica produção de grãos por planta encontraram valores de herdabilidade individual de 30%.

Os coeficientes de determinação dos efeitos: individual da dominância, para as características vegetativas variaram de 0 a 0,11 e para as reprodutivas de 0 para 0,03); das parcelas (características vegetativas variaram de 0 para 0,28 e as reprodutivas de 0 para 0,10); médias das colheitas (vegetativas variaram de 0 para 0,24 e para reprodutivas 0 a 0,42); e para os permanentes (vegetativas variaram de 0 para 0,89 e reprodutivas de 0 a 0,05), para todas características analisadas os coeficientes tiveram magnitudes baixas (Tabelas 2 e 3). A

partir dos resultados obtidos podemos inferir que as estimativas destes parâmetros tiveram baixa influência na variação individual da dominância, na variação ambiental entre parcelas e dentro dos blocos, na variação entre as colheitas e na variação ambiental das safras de um ano para outro. As características reprodutivas associadas a inflorescências aos frutos foram as que apresentaram as maiores variações ao longo das três safras.

Considerando o delineamento aplicado e os baixos CVe das características avaliadas podemos sugerir que o experimento foi conduzido de maneira precisa e que as maiores variações podem estar associadas aos aspectos complexos da biologia floral que esta diretamente relacionada com os caracteres dos frutos. Este parâmetro representa a precisão na qual o experimento foi conduzido, sendo de natureza estatística e não genética. Pimentel Gomes (2000), sugere que valores de CVe que se encontram abaixo de 10% são considerados baixos, e acima de 30% podem ser considerados altos.

O diâmetro de ramos primários (DRP) obteve um coeficiente de variação genética (CVg) de 56,63% (alto), CVe de 14,27% e coeficiente de variação relativa (CVr) de 3,97%. Para a característica reprodutiva sementes por fruto (SFR), o CVg foi de 16,82% (médio), o CVe de 3,14% e CVr de 5,35% (Tabelas 2 e 3).

A razão entre CVg e o CVe dá origem ao valor do coeficiente de variação relativa (CVr), que serve como um auxílio para identificação da variabilidade genética em uma população, não sendo diretamente influenciado pela média da característica (FONSECA et al., 2010). E, de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), quando o resultado desta divisão é superior a 1,0 a seleção é favorável, pois há predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais. As duas características, DRP e SFR são importantes e associadas à produção da planta. Plantas com maiores dimensões de diâmetro de ramos primários permitem uma maior emissão de ramos secundários, onde a maioria das gemas florais se localiza e que serão transformadas em inflorescências e posteriormente em frutos. Ressaltamos ainda que o maior número de sementes por fruto, além dos aspectos que envolvem a reprodução da planta, como a polinização e a fertilização, um bom desenvolvimento vegetativo da planta é sempre recomendado. Com ramos bem formados e área foliar suficientes para a realização da fotossíntese são fundamentais e influenciam diretamente a magnitude da característica de número de sementes por fruto.

Para DRP a estimativa do coeficiente de variação genética aditiva (CVga) foi de 79,88% e um coeficiente variação relativa genética aditiva (CVra) de 5,59% (Tabela 2). Estes resultados demonstram claramente que, para esta característica foi possível identificar variabilidade genética aditiva nas progênes avaliadas.

O coeficiente de variação genotípica CVg indica a amplitude de variação genética de uma característica, juntamente com o parâmetro CVe são de grande relevância na tomada de decisão em um programa de melhoramento que envolve seleção, pois tem reflexo direto na acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007).

As repetibilidades em nível, de média das progênes, individual considerando a média das colheitas e individual por colheita também apresentaram magnitudes média a altas, demonstrando o bom desempenho dos genótipos avaliados, ao longo das três safras estudadas. As variações destes parâmetros para características vegetativas ficaram entre 0,81 a 0,99 para r.MédiaProg, para r.indiv.médiaColheita, foram de 0,52 a 0,95 e para r.indiv.PorColheita de 0,30 a 0,99, contudo, para as reprodutivas foram de 0,73 para 0,99 (r.MédiaProg), 0,15 a 0,98 (r.indiv.médiaColheita) e entre 0,12 a 0,96 para r.indiv.PorColheita (Tabelas 2 e 3).

A classificação quanto à repetibilidade (r), proposta por Resende (2002) considera: valores altos acima de 60 %, médio entre 30% a 60% e baixo menor 30%. Na seleção de um genótipo superior é importante que as características iniciais desejáveis sejam persistentes pelas gerações seguintes. O coeficiente de repetibilidade comprova esta expectativa, pois é a correlação entre medidas ou avaliações realizadas em um mesmo indivíduo, no tempo ou no espaço (CRUZ et al., 2004). Este parâmetro expressa a proporção da variância total de origem genética e aquelas causadas pelo ambiente permanente; representa o limite superior da herdabilidade e permite estimar o número de observações necessárias para cada caráter, num determinado indivíduo, proporcionando maior eficiência na seleção (SOARES et al., 2008).

TABELA 2. Estimativas dos parâmetros genéticos, para os caracteres vegetativos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Altura de plantas (AP); diâmetro de caule (DC); diâmetro da copa na entrelinha (DCEL); diâmetro da copa entre plantas (DCEP); número de ramos/planta (NR); altura da primeira ramificação (AL1R); comprimento de três ramos primários (CRP); diâmetro de três ramos primários (DRP). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Parâmetros	AP	DC	DCEL	DCEP	NR	AL1R	CRP	DRP
Va	0,09	0,00	9,65	16,42	0,00	0,00	9,38	98,09
Vd	62,48	0,00	0,00	0,00	0,00	0,22	0,00	0,00
Vgm	29,95	0,02	35,44	6,67	0,59	0,14	30,50	0,97
Vparc	130,65	0,07	162,45	184,49	1,25	0,24	33,37	0,33
Vperm	47,21	1,40	17,06	84,11	0,00	4,55	118,42	418,76
Ve	277,83	0,28	460,87	373,21	4,67	4,68	428,53	3,13
hr²mediaProg	0,00	0,00	0,06	0,10	0,00	0,00	0,12	0,67
hr²indiv.mediaColheita	0,00	0,00	0,03	0,04	0,00	0,00	0,03	0,21
hr²indiv.PorColheita	0,00	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00	0,02	0,21
ha²mediaProg	0,51	0,69	0,06	0,10	0,26	0,50	0,12	0,67
ha²indiv.mediaColheita	0,18	0,00	0,03	0,04	0,00	0,03	0,03	0,21
ha²indiv.PorColheita	0,11	0,00	0,01	0,02	0,00	0,02	0,02	0,21
C²IndivDomi	0,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
C²parc	0,24	0,04	0,24	0,28	0,18	0,02	0,05	0,00
C²mediaColheits	0,24	0,01	0,05	0,01	0,09	0,01	0,05	0,00
C²perm	0,09	0,69	0,03	0,13	0,00	0,45	0,19	0,89
CVe	8,47	3,89	11,72	10,87	31,46	16,14	12,93	14,27
CVg	4,03	3,67	1,23	1,64	7,27	5,09	1,39	56,63
CVr(CVg/CVe)	0,48	0,94	0,10	0,15	0,23	0,32	0,11	3,97
CVga	0,15	0,07	1,70	2,28	0,04	0,02	1,91	79,88
CVra(CVga/CVe)	0,02	0,02	0,14	0,21	0,00	0,00	0,15	5,60
CVgd	4,02	0,01	0,01	0,01	0,04	3,46	0,02	0,02
CVrd(CVgd/CVe)	0,47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21	0,00	0,00
r.MediaProg	0,96	0,99	0,89	0,92	0,91	0,91	0,81	1,00
r.indiv.mediaColheita	0,73	0,95	0,56	0,69	0,52	0,77	0,54	1,00
r.indiv.PorColheita	0,49	0,86	0,32	0,43	0,31	0,54	0,30	0,99
Média	196,70	13,62	183,10	177,79	6,87	13,41	160,08	12,40

TABELA 3. Estimativas dos parâmetros genéticos, para os caracteres reprodutivos em famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Número de inflorescência (NIF); número de frutos/planta (NFR); massa de frutos (MFR); comprimento da semente (CS); largura da semente (LS); sementes por fruto (SFR); massa de cem sementes (MCS). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Parâmetros	NIF	NFR	MFR	MCS	CS	LS	SFR
Va	7,66	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Vd	0,00	0,01	0,03	2,50	0,00	0,00	0,00
Vgm	22,26	348,75	561,18	35,07	0,83	0,00	0,00
Vparc	0,00	453,08	1.913,46	1,59	0,00	0,00	0,00
Vperm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,14	0,08	0,00
Ve	190,86	3.861,31	16.598,23	43,14	1,35	1,21	0,01
hr²mediaProg	0,25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
hr²indiv.mediaColheita	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
hr²indiv.PorColheita	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
ha²mediaProg	0,27	0,00	0,00	0,17	0,45	0,90	1,00
ha²indiv.mediaColheita	0,10	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
ha²indiv.PorColheita	0,04	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
C²IndivDomi	0,00	0,00	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00
C²parc	0,00	0,10	0,10	0,02	0,00	0,00	0,00
C²mediaColheita	0,10	0,07	0,03	0,42	0,33	0,00	0,00
C²perm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,05	0,00
CVe	36,27	55,56	50,96	10,81	6,66	9,94	3,14
CVg	5,30	0,46	0,21	2,73	2,87	4,53	16,82
CVr(CVg/CVe)	0,15	0,01	0,00	0,25	0,43	0,46	5,35
CVga	7,27	0,07	0,02	0,01	0,01	0,18	0,00
CVra(CVga/CVe)	0,20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00
CVgd	0,01	0,07	0,06	2,60	0,01	0,18	0,00
CVrd(CVgd/CVe)	0,00	0,00	0,00	0,24	0,00	0,02	0,00
r.MediaProg	0,76	0,79	0,73	0,95	0,96	0,92	1,00
r.indiv.mediaColheita	0,15	0,31	0,28	0,53	0,60	0,45	0,99
r.indiv.PorColheita	0,12	0,17	0,13	0,48	0,48	0,21	0,97
Média	38,09	111,84	252,83	60,73	17,43	11,06	2,97

3.1 Seleção para potenciais genitores

A seleção das famílias em nível média das progênes para potenciais genitores com base no ganho seleção para características vegetativas e reprodutivas estão dispostos nas tabelas 4 e 5, respectivamente.

Dentre as características vegetativas, a característica diâmetro de três ramos primários obteve o maior de ganho de seleção na família F, que são progênes, proveniente da hibridação entre o Acesso 23 (♀) x Acesso 56 (♂), na segunda posição encontra-se a família C que é originária da hibridação Acesso 27 (♀) x Acesso 74 (♂) (Tabela 4).

TABELA 4. Seleção em nível de médias de progênes, para o caractere vegetativo diâmetro de três ramos primários (DRP), em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	m+a	GS (%)
DRP				
F	16,66	0,44	12,84	3,53
C	33,33	0,40	12,80	3,40
D	50,00	-0,06	12,34	2,11
B	66,66	-0,17	12,23	1,25
A	83,33	-0,31	12,09	0,50
E	100,00	-0,31	12,09	0,00

Para a característica reprodutiva número de inflorescências, a família D (Acesso 74 (♀) x Acesso 64 (♂)) obteve o maior ganho, seguida pelas famílias A Acesso 73 (♀) x Acesso 64 (♂) e E oriunda do cruzamento, Acesso 23 (♀) x Acesso 27 (♂) (Tabela 5).

TABELA 5. Seleção em nível de médias de progênies, para o caractere reprodutivo número de inflorescências (NIF) em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	m+a	GS (%)
NIF				
D	16,66	1,13	39,22	2,97
A	33,33	0,86	38,95	2,62
E	50,00	0,86	38,95	2,50
B	66,66	0,33	38,42	2,09
C	83,33	-1,05	37,04	1,12
F	100,00	-2,14	35,95	0,00

3.1.1 Famílias como potenciais genitores

Nas tabelas 6 e 7, encontram-se as melhores famílias como potenciais genitores, com os melhores ganhos genéticos de seleção nas três safras.

Com exceção da característica número de ramos, a família C foi a que mais contribuiu com os maiores ganhos. Para as demais características vegetativas, entre as três safras, a família C apresentou maior ganho para segunda e terceira safras para os caracteres: AP, DCEL e DRP; e exclusivamente para terceira safra para as características: DCEP e CRP.

A partir dos dados descritos acima infere-se que a família C dá indícios de que, para as características mencionadas, uma estabilização dos ganhos genéticos começa a ser observada. Entretanto, novas avaliações serão necessárias para comprovação deste efeito. Para o melhoramento genético, quanto mais conjuntos gênicos de interesse um genótipo possuir, maior será o potencial de reação do mesmo às mudanças ambientais, gradientes de fertilidade e reações a patógenos, em virtude de sua ampla variabilidade genética e heterozigosidade (NOGUEIRA et al., 2019).

TABELA 6. Seleção em nível de médias de progênies dentro das três safras, para os caracteres vegetativos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. Altura de plantas (AP); diâmetro da copa na entrelinha (DCEL); diâmetro da copa entre plantas (DCEP); número de ramos por planta (NR); comprimento de três ramos primários (CRP); diâmetro de três ramos primários (DRP), Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	Prog x Med	m+a	GS (%)
AP					
Safra1					
F	16,66	-0,01	5,83	127,59	4,78
D	33,33	0,01	4,38	126,16	4,19
B	50,00	0,00	4,36	126,14	3,99
A	66,66	0,00	-0,02	121,76	2,98
E	83,33	0,00	-6,49	115,29	1,32
C	100,00	0,01	-8,06	113,73	0,00
Safra2					
C	16,66	0,01	2,07	217,21	0,96
A	33,33	0,00	1,92	217,05	0,92
D	50,00	0,01	1,26	216,40	0,81
E	66,66	0,00	0,79	215,92	0,70
B	83,33	0,00	-0,71	214,42	0,49
F	100,00	-0,01	-5,34	209,78	1,3.10 ⁻¹⁴
Safra3					
C	16,66	0,01	6,62	260,09	2,62
E	33,33	0,00	4,29	257,76	2,15
A	50,00	0,00	-0,61	252,85	1,36
F	66,66	-0,01	-1,19	252,26	0,90
B	83,33	0,00	-3,49	249,98	0,44
D	100,00	0,01	-5,63	247,84	0,00
DCEL					
Safra1					
F	16,66	0,70	4,54	88,48	6,30
D	33,33	-0,10	3,78	86,92	5,36
B	50,00	-0,10	2,69	85,84	4,61
A	66,66	-0,62	0,07	82,69	3,30
C	83,33	0,72	-3,33	80,64	2,01
E	100,00	-0,62	-7,75	74,87	0,00
Safra2					
C	16,66	0,72	3,63	204,67	2,17
F	33,33	0,70	3,18	204,19	2,05
E	50,00	-0,62	1,82	201,51	1,57
B	66,66	-0,10	-0,19	200,03	1,14
A	83,33	-0,62	-3,49	196,21	0,50
D	100,00	-0,10	-4,94	195,28	0,00
Safra3					
C	16,66	0,72	2,89	269,64	1,36
E	33,33	-0,62	3,92	269,33	1,30
D	50,00	-0,10	0,64	266,57	0,94
A	66,66	-0,62	-0,61	264,80	0,59
B	83,33	-0,10	-1,44	264,49	0,35
F	100,00	0,70	-5,40	261,33	0,00

...continua...

TABELA 6. Cont.

DCEP					
Safra1					
F	16,66	1,10	1,98	82,10	3,89
C	33,33	1,20	-0,92	79,32	2,13
B	50,00	-0,20	0,21	79,04	1,42
D	66,66	-0,01	-0,22	78,80	0,99
A	83,33	-1,05	-0,08	77,90	0,51
E	100,00	-1,05	-0,97	77,01	0,00
Safra2					
D	16,66	-0,01	1,51	204,08	0,74
F	33,33	1,10	0,05	203,72	0,65
C	50,00	1,20	-0,51	203,27	0,55
B	66,66	-0,20	-0,12	202,25	0,37
E	83,33	-1,05	0,20	201,73	0,21
A	100,00	-1,05	-1,13	200,40	-1,4.10 ⁻¹⁴
Safra3					
C	16,66	1,20	1,84	254,81	1,21
B	33,33	-0,20	0,17	251,73	0,60
A	50,00	-1,05	0,62	251,34	0,34
F	66,66	1,10	-1,58	251,29	0,21
E	83,33	-1,05	0,03	250,76	0,09
D	100,00	-0,01	-1,08	250,68	-1,1. 10 ⁻¹⁴
NR					
Safra1					
D	16,66	-8,01. 10 ⁻⁷	1,10	11,82	10,25
B	33,33	6,39. 10 ⁻⁷	0,80	11,52	8,85
F	50,00	1,43. 10 ⁻⁶	-0,08	10,64	5,64
A	66,66	-2,66. 10 ⁻⁷	-0,32	10,41	3,50
C	83,33	-7,43. 10 ⁻⁷	-0,46	10,27	1,95
E	100,00	-2,66. 10 ⁻⁷	-1,04	9,68	0,00
Safra2					
F	16,66	1,43. 10 ⁻⁶	0,76	6,33	13,68
E	33,33	-2,66. 10 ⁻⁷	0,26	5,83	9,21
A	50,00	-2,66. 10 ⁻⁷	0,14	5,71	6,99
C	66,66	-7,43. 10 ⁻⁷	-0,19	5,37	4,37
D	83,33	-8,01. 10 ⁻⁷	-0,45	5,11	1,87
B	100,00	6,39. 10 ⁻⁷	-0,52	5,04	-1,59. 10 ⁻¹⁴
Safra3					
E	16,66	-2,66. 10 ⁻⁷	0,39	4,72	8,91
A	33,33	-2,66. 10 ⁻⁷	0,26	4,60	7,50
C	50,00	-7,43. 10 ⁻⁷	0,16	4,49	6,24
B	66,66	6,39. 10 ⁻⁷	-0,09	4,24	4,16
6	83,33	1,43. 10 ⁻⁶	-0,28	4,06	2,06
F	100,00	-8,01. 10 ⁻⁷	-0,45	3,89	0,00

...continua...

Tabela 6. Cont.

CRP					
Safra1					
F	16,66	0,91	3,33	52,83	8,73
D	33,33	-0,06	3,48	52,01	7,88
B	50,00	-0,39	1,51	49,71	6,03
C	66,66	1,08	-2,02	47,65	4,04
A	83,33	-0,77	-1,74	46,08	2,20
E	100,00	-0,77	-4,56	43,26	0,00
Safra2					
F	16,66	0,91	4,20	194,12	2,70
C	33,33	1,08	1,82	191,91	2,12
E	50,00	-0,77	2,72	190,96	1,76
B	66,66	-0,39	-2,65	185,97	0,92
D	83,33	-0,06	-3,37	185,58	0,37
A	100,00	-0,77	-2,72	185,52	0,00
Safra3					
C	16,66	1,08	6,90	248,56	3,32
A	33,33	-0,77	3,16	242,97	2,15
B	50,00	-0,39	-0,51	239,68	1,31
E	66,66	-0,77	-0,60	239,21	0,84
D	83,33	-0,06	-2,99	237,53	0,42
F	100,00	0,91	-5,95	235,55	0,00
DRP					
Safra1					
F	16,66	0,44	1,20	9,81	20,03
D	33,33	-0,06	0,65	8,76	13,60
B	50,00	-0,17	0,58	8,59	10,74
C	66,66	0,40	-0,82	7,76	6,78
A	83,33	-0,31	-0,58	7,29	3,26
E	100,00	-0,31	-1,02	6,85	0,00
Safra2					
C	16,66	0,40	0,21	12,89	5,03
F	33,33	0,44	-0,20	12,51	3,48
E	50,00	-0,31	0,29	12,25	2,28
D	66,66	-0,06	-0,15	12,05	1,27
A	83,33	-0,31	0,08	12,03	0,64
B	100,00	-0,17	-0,23	11,87	1,44. 10 ⁻¹⁴
Safra3					
C	16,66	0,40	0,68	17,83	6,47
A	33,33	-0,31	0,65	17,09	4,26
E	50,00	-0,31	0,52	16,96	3,27
F	66,66	0,44	-0,95	16,23	1,68
B	83,33	-0,17	-0,37	16,21	0,70
D	100,00	-0,06	-0,53	16,16	0,00

Para as características reprodutivas NIF, NFR ao longo das três safras, os maiores ganhos foram observados na família D. Para os caracteres MCS e LS o maior ganho foi para família F, para MFR foi a família E e para CS destacou-se a família A.

TABELA 7. Seleção em nível de médias de progênes dentro das três safras, para os caracteres reprodutivos, em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L, Número de inflorescência (NIF); número de frutos por planta (NFR); massa de frutos (MFR); comprimento da semente (CS); massa de cem sementes (MCS), Janaúba. Minas Gerais. 2020.

Família	IS(%)	a	Prog x Med	m+a	GS (%)
NIF					
Safra1					
A	16,66	0,86	1,98	29,77	10,55
D	33,33	1,13	0,52	28,58	8,34
B	50,00	0,33	0,55	27,81	6,65
E	66,66	0,86	-0,63	27,16	5,21
C	83,33	-1,05	-1,03	24,84	2,62
F	100,00	-2,14	-1,39	23,40	0,00
Safra2					
D	16,66	1,13	6,45	53,02	16,67
A	33,33	0,86	3,66	49,97	13,31
B	50,00	0,33	2,79	48,57	11,16
C	66,66	-1,05	-0,97	43,42	7,26
E	83,33	0,86	-6,62	39,69	3,27
F	100,00	-2,14	-5,31	37,99	-1,56. 10 ⁻¹⁴
Safra3					
D	16,66	1,13	5,67	48,73	16,22
A	33,33	0,86	1,26	44,05	10,65
B	50,00	0,33	0,96	43,22	8,13
E	66,66	0,86	-1,83	40,96	5,52
F	83,33	-2,14	-0,67	39,11	3,08
C	100,00	-1,05	-5,40	35,48	0,00
NFR					
Safra1					
C	16,66	-8,88.10 ⁻⁵	12,50	69,97	21,76
F	33,33	-4,32.10 ⁻⁵	9,40	66,86	19,06
B	50,00	5,94.10 ⁻⁵	2,15	59,61	13,95
A	66,66	3,16.10 ⁻⁵	-3,45	54,02	8,96
D	83,33	9,36.10 ⁻⁶	-9,78	47,68	3,77
E	100,00	3,16.10 ⁻⁵	-10,82	46,64	0,00
Safra2					
B	16,66	5,94.10 ⁻⁵	7,21	102,22	7,59
F	33,33	-4,3.10 ⁻⁵	4,76	99,77	6,30
E	50,00	3,16.10 ⁻⁵	-1,22	93,79	3,77
C	66,66	-8,88.10 ⁻⁵	-1,62	93,38	2,40
D	83,33	9,36.10 ⁻⁶	-3,14	91,87	1,26
A	100,00	3,16.10 ⁻⁵	-5,99	89,02	0,00

...continua...

Tabela 7. Cont.

Safra3					
D	16,66	$9,36 \cdot 10^{-6}$	29,87	215,65	16,08
E	33,33	$3,16 \cdot 10^{-5}$	8,99	194,78	10,46
B	50,00	$5,94 \cdot 10^{-5}$	2,21	188,00	7,37
A	66,66	$3,16 \cdot 10^{-5}$	0,83	186,62	5,64
F	83,33	$-4,32 \cdot 10^{-5}$	-8,97	176,82	3,54
C	100,00	$-8,88 \cdot 10^{-5}$	-32,93	152,86	0,00
MFR					
Safra1					
C	16,66	$-2,24 \cdot 10^{-5}$	13,22	160,73	8,96
F	33,33	$-1,03 \cdot 10^{-5}$	11,37	158,88	8,33
A	50,00	$1,24 \cdot 10^{-5}$	-1,35	146,16	5,25
D	66,66	$-5,49 \cdot 10^{-6}$	-6,57	140,94	2,82
E	83,33	$1,24 \cdot 10^{-5}$	-8,19	139,32	1,15
B	100,00	$1,33 \cdot 10^{-5}$	-8,49	139,01	$1,92 \cdot 10^{-14}$
Safra2					
B	16,66	$1,33 \cdot 10^{-5}$	4,17	231,03	1,84
F	33,33	$-1,03 \cdot 10^{-5}$	3,39	230,26	1,67
D	50,00	$-5,49 \cdot 10^{-6}$	3,25	230,12	1,59
C	66,66	$-2,24 \cdot 10^{-5}$	-0,76	226,10	1,11
A	83,33	$1,24 \cdot 10^{-5}$	-4,63	222,24	0,48
E	100,00	$1,24 \cdot 10^{-5}$	-5,41	221,46	0,00
Safra3					
E	16,66	$1,24 \cdot 10^{-5}$	25,48	414,65	6,55
B	33,33	$1,33 \cdot 10^{-5}$	12,74	401,90	4,91
D	50,00	$-5,49 \cdot 10^{-6}$	8,29	397,45	3,98
A	66,66	$1,24 \cdot 10^{-5}$	-3,76	385,41	2,75
F	83,33	$-1,03 \cdot 10^{-5}$	-11,95	377,22	1,58
C	100,00	$-2,24 \cdot 10^{-5}$	-30,80	358,36	0,00
MCS					
Safra1					
B	16,66	$5,88 \cdot 10^{-6}$	6,85	62,89	12,22
F	33,33	$6,43 \cdot 10^{-6}$	4,93	60,98	10,51
D	50,00	$-5,32 \cdot 10^{-6}$	1,51	57,55	7,90
A	66,66	$-2,00 \cdot 10^{-6}$	-2,10	53,94	4,99
C	83,33	$-2,98 \cdot 10^{-6}$	-5,32	50,73	2,09
E	100,00	$-2,00 \cdot 10^{-6}$	-5,86	50,18	0,00
Safra2					
A	16,66	$-2,00 \cdot 10^{-6}$	6,87	73,00	10,38
D	33,33	$-5,32 \cdot 10^{-6}$	6,00	72,13	9,73
B	50,00	$5,88 \cdot 10^{-6}$	-2,33	63,80	5,31
C	66,66	$-2,98 \cdot 10^{-6}$	-2,48	63,65	3,05
E	83,33	$-2,00 \cdot 10^{-6}$	-2,61	63,52	1,65
F	100,00	$6,43 \cdot 10^{-6}$	-5,45	60,68	0,00

...continua...

Tabela 7. Cont.

Safra3					
F	16,66	$6,43.10^{-6}$	11,03	71,03	18,39
B	33,33	$5,88.10^{-6}$	4,58	64,58	13,01
A	50,00	$-2,00.10^{-6}$	-3,01	56,99	7,00
D	66,66	$-5,32.10^{-6}$	-3,47	56,53	3,81
E	83,33	$-2,00.10^{-6}$	-4,26	55,74	1,63
C	100,00	$-2,98.10^{-6}$	-4,88	55,12	0,00
CS					
Safra1					
B	16,66	$1,07.10^{-6}$	0,40	17,57	2,35
A	33,33	$8,91.10^{-7}$	0,39	17,56	2,31
D	50,00	$-7,52.10^{-7}$	-0,05	17,12	1,45
C	66,66	$-1,56.10^{-6}$	-0,14	17,02	0,88
E	83,33	$8,91.10^{-7}$	-0,24	16,92	0,42
F	100,00	$-5,39.10^{-7}$	-0,36	16,81	0,00
Safra2					
D	16,66	$-7,52.10^{-7}$	0,64	17,94	3,69
E	33,33	$8,91.10^{-7}$	0,50	17,80	3,28
B	50,00	$1,07.10^{-6}$	0,22	17,53	2,62
C	66,66	$-1,56.10^{-6}$	-0,32	16,98	1,50
F	83,33	$-5,39.10^{-7}$	-0,44	16,87	0,70
A	100,00	$8,91.10^{-7}$	-0,60	16,70	0,00
Safra3					
A	16,66	$8,91.10^{-7}$	2,16	19,99	12,13
F	33,33	$-5,39.10^{-7}$	1,00	18,83	8,87
B	50,00	$1,07.10^{-6}$	-0,02	17,80	5,87
C	66,66	$-1,56.10^{-6}$	-0,67	17,16	3,46
D	83,33	$-7,52.10^{-7}$	-0,83	17,00	1,84
E	100,00	$8,91.10^{-7}$	-1,64	16,19	0,00

3.1.2 Seleção individual para potenciais genitores

A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores das características vegetativas e reprodutivas encontram-se expostos nas tabelas 8 e 9.

Com base nos valores genotípicos preditos e no ganho de seleção superior, as progênies foram ranqueadas em ordem decrescente e dentre elas foram selecionadas as 10 melhores progênies como potenciais genitores (Tabela 8).

Para o diâmetro de ramos primários os maiores ganhos foram observados para o indivíduo F07 seguido pelo F18. De maneira geral, as famílias C e F contribuíram com o maior número de indivíduos ranqueados para a característica citada acima, ambas

contribuíram com 50% dentre os dez melhores selecionados. A variação do ganho de seleção entre o primeiro colocado e o décimo para esta característica é de 1,31% (Tabela 8).

TABELA 8. Seleção individual de progênes, para o caractere vegetativo, diâmetro de três ramos primários (DRP) em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Progênie Individual	IS(%)	a	a+m	GS (%)
DRP				
F07	0,93	0,78	13,18	6,32
F18	1,85	0,72	13,12	6,07
C08	2,78	0,69	13,09	5,90
C07	3,70	0,68	13,08	5,80
C02	4,63	0,59	12,99	5,59
C18	5,56	0,57	12,97	5,43
F01	6,48	0,55	12,95	5,29
F08	7,41	0,55	12,94	5,18
C01	8,33	0,54	12,94	5,09
F18	9,26	0,53	12,93	5,01

Na análise das características reprodutivas, as progênes e os respectivos indivíduos foram ranqueados em ordem decrescente e dentre elas foram selecionadas as 10 melhores progênes como potenciais genitores (Tabela 9).

Para a característica número de inflorescência, a progênie D02 apresentou o maior ganho de seleção e 80% dos indivíduos ranqueados também são pertencentes da família D, os 20% restantes são os indivíduos da família (A15 e A16). A variação do ganho de seleção entre o primeiro colocado e o décimo para esta característica é de 1,23% (Tabela 9).

TABELA 9. Seleção individual de progênies, para o caractere reprodutivo, número de inflorescências (NIF) em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Progênie Individual	IS(%)	a	a+m	GS (%)
NIF				
D02	0,93	2,11	40,20	5,55
D03	1,85	1,94	40,03	5,32
D10	2,78	1,68	39,76	5,02
A15	3,70	1,66	39,75	4,85
D08	4,63	1,66	39,75	4,75
A16	5,56	1,53	39,62	4,63
D07	6,48	1,53	39,61	4,54
D13	7,41	1,52	39,61	4,47
D12	8,33	1,43	39,52	4,39
D11	9,26	1,41	39,50	4,32

3.2 Seleção para potenciais clones

A seleção das famílias em nível média das progênies para potenciais clones, com base no ganho de seleção para características vegetativas e reprodutivas estão dispostos nas tabelas 10 e 11, respectivamente.

Para o diâmetro de três ramos primários o maior ganho é observado na família F, proveniente da hibridação entre o Acesso23 (♀) x Acesso 56 (♂). O ganho de seleção entre as famílias variou do maior para o menor em torno de 3,03% (Tabela 10).

TABELA 10. Seleção em nível de médias de progênies para clones, para o caractere vegetativo, diâmetro de três ramos primários (DRP) em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	d	m+a+d	GS (%)
DRP					
F	16,66	0,44	$1,31.10^{-6}$	12,84	3,53
C	33,33	0,40	$1,83.10^{-6}$	12,80	3,40
D	50,00	-0,06	$-6,62.10^{-7}$	12,34	2,11
B	66,66	-0,17	$-4,05.10^{-7}$	12,23	1,25
A	83,33	-0,31	$-1,04.10^{-6}$	12,09	0,50
E	100,00	-0,31	$-1,04.10^{-6}$	12,09	0,00

Dentre as características reprodutivas, para o número de inflorescências o maior ganho observado foi na família D, oriunda da hibridação do Acesso74 (♀) x Acesso 64 (♂). O ganho de seleção entre as famílias variou do maior para o menor em torno de 1,85% (Tabela 11).

TABELA 11. Seleção em nível de médias de progênies para clones, para o caractere reprodutivo, número de inflorescência (NIF) em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	d	m+a+d	GS (%)
NIF					
D	16,66	1,13	$2,82.10^{-6}$	39,22	2,97
A	33,33	0,86	$-3,92.10^{-7}$	38,95	2,62
E	50,00	0,86	$-3,92.10^{-7}$	38,95	2,50
B	66,66	0,33	$1,01.10^{-6}$	38,42	2,09
C	83,33	-1,05	$-1,52.10^{-6}$	37,04	1,12
F	100,00	-2,14	$-1,52.10^{-6}$	35,95	0,00

3.2.1 Famílias como potenciais clones

Nas tabelas 12 e 13, encontram-se as melhores famílias como potenciais clones, com os melhores ganhos genéticos de seleção nas três safras.

A família C foi a que mais contribuiu com maiores ganhos entre as três safras para as características vegetativas. A família C também apresentou maior ganho para segunda e

terceira safras para os caracteres: AP, DCEL e DRP; e na terceira safra para: CCEP e CRP (Tabela 12).

TABELA 12. Seleção em nível de médias de progênies para clones dentro das três safras, para os caracteres vegetativos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., Altura de plantas (AP); diâmetro da copa na entrelinha (DCEL); diâmetro da copa entre plantas (DCEP); comprimento de três ramos primários (CRP); diâmetro de três ramos primários (DRP). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Família	IS(%)	a	D	Prog x Med	m+a+d+ge	GS (%)
AP						
Safra1						
F	16,66	-0,01	-0,02	5,83	127,56	4,76
D	33,33	0,01	0,00	4,38	126,16	4,18
B	50,00	0,00	0,01	4,36	126,14	3,98
A	66,66	0,00	0,00	-0,02	121,75	2,98
E	83,33	0,00	0,00	-6,49	115,28	1,32
C	100,00	0,01	0,02	-8,06	113,74	0,00
Safra2						
C	16,66	0,01	0,02	2,07	217,23	0,97
A	33,33	0,00	0,00	1,92	217,04	0,93
D	50,00	0,01	0,00	1,26	216,40	0,81
E	66,66	0,00	0,00	0,79	215,91	0,70
B	83,33	0,00	0,01	-0,71	214,42	0,49
F	100,00	-0,01	-0,02	-5,34	209,75	1,32.10 ⁻¹⁴
Safra3						
C	16,66	0,01	0,02	6,62	260,11	2,62
E	33,33	0,00	0,00	4,29	257,75	2,16
A	50,00	0,00	0,00	-0,61	252,84	1,36
F	66,66	-0,01	-0,02	-1,19	252,23	0,90
B	83,33	0,00	0,01	-3,49	249,98	0,44
D	100,00	0,01	0,00	-5,63	247,84	0,00
DCEL						
Safra1						
F	16,66	0,70	1,73. 10 ⁻⁵	4,54	88,48	6,29
D	33,33	-0,09	2,52. 10 ⁻⁶	3,77	86,92	5,36
B	50,00	-0,09	1,07. 10 ⁻⁵	2,69	85,83	4,61
A	66,66	-0,61	-2,62. 10 ⁻⁵	0,06	82,69	3,29
C	83,33	0,72	2,18. 10 ⁻⁵	-3,32	80,63	2,01
E	100,00	-0,61	-2,62. 10 ⁻⁵	-7,75	74,87	0,00
Safra2						
C	16,66	0,72	2,18. 10 ⁻⁵	3,62	204,66	2,17
F	33,33	0,70	1,7. 10 ⁻⁵	3,17	204,19	2,05
E	50,00	-0,61	-2,6. 10 ⁻⁵	1,81	201,51	1,56
B	66,66	-0,09	1,07. 10 ⁻⁵	-0,18	200,02	1,14
A	83,33	-0,616	-2,6. 10 ⁻⁵	-3,48	196,20	0,50
D	100,00	-0,096	2,52. 10 ⁻⁵	-4,94	195,27	0,00

...continua...

Tabela 12. Cont.

Safra3						
C	16,66	0,72	$2,18 \cdot 10^{-5}$	2,89	269,64	1,36
E	33,33	-0,62	$-2,6 \cdot 10^{-5}$	3,92	269,32	1,30
D	50,00	-0,10	$2,52 \cdot 10^{-6}$	0,64	266,57	0,94
A	66,66	-0,62	$-2,6 \cdot 10^{-5}$	-0,61	264,79	0,59
B	83,33	-0,10	$1,07 \cdot 10^{-5}$	-1,44	264,48	0,35
F	100,00	0,70	$1,73 \cdot 10^{-5}$	-5,40	261,33	0,00
DCEP						
Safra1						
F	16,66	1,10	$1,25 \cdot 10^{-5}$	1,98	82,10	3,89
C	33,33	1,20	$1,18 \cdot 10^{-5}$	-0,92	79,31	2,13
B	50,00	-0,20	$9,00 \cdot 10^{-6}$	0,21	79,03	1,42
D	66,66	-0,01	$8,13 \cdot 10^{-6}$	-0,22	78,79	0,99
A	83,33	-1,05	$-2,0 \cdot 10^{-5}$	-0,08	77,90	0,51
E	100,00	-1,04	$-2,0 \cdot 10^{-5}$	-0,97	77,00	0,00
Safra2						
D	16,66	-0,00	$8,13 \cdot 10^{-6}$	1,51	204,07	0,74
F	33,33	1,09	$1,25 \cdot 10^{-5}$	0,04	203,71	0,65
C	50,00	1,20	$1,18 \cdot 10^{-5}$	-0,50	203,26	0,55
B	66,66	-0,20	$9,00 \cdot 10^{-6}$	-0,12	202,24	0,37
E	83,33	-1,04	$-2,07 \cdot 10^{-5}$	0,20	201,73	0,21
A	100,00	-1,046	$-2,07 \cdot 10^{-5}$	-1,13	200,39	$-1,4 \cdot 10^{-14}$
Safra3						
C	16,66	1,20	$1,18 \cdot 10^{-5}$	1,83	254,80	1,20
B	33,33	-0,20	$9,00 \cdot 10^{-6}$	0,16	251,73	0,59
A	50,00	-1,04	$-2,0 \cdot 10^{-5}$	0,62	251,34	0,34
F	66,66	1,09	$1,25 \cdot 10^{-5}$	-1,58	251,28	0,20
E	83,33	-1,04	$-2,0 \cdot 10^{-5}$	0,03	250,75	0,08
D	100,00	-0,00	$8,13 \cdot 10^{-6}$	-1,07	250,68	0,00
CRP						
Safra1						
F	16,66	0,91	$1,23 \cdot 10^{-5}$	3,33	52,83	8,73
D	33,33	-0,06	$-1,26 \cdot 10^{-5}$	3,48	52,00	7,88
B	50,00	-0,38	$-5,78 \cdot 10^{-6}$	1,51	49,71	6,02
C	66,66	1,08	$4,11 \cdot 10^{-5}$	-2,02	47,65	4,03
A	83,33	-0,77	$-1,75 \cdot 10^{-5}$	-1,73	46,07	2,19
E	100,00	-0,77	$-1,75 \cdot 10^{-5}$	-4,56	43,25	0,00
Safra2						
F	16,66	0,91	$1,23 \cdot 10^{-5}$	4,19	194,11	2,70
C	33,33	1,08	$4,11 \cdot 10^{-5}$	1,81	191,91	2,11
E	50,00	-0,77	$-1,75 \cdot 10^{-5}$	2,72	190,95	1,75
B	66,66	-0,38	$-5,78 \cdot 10^{-6}$	-2,65	185,96	0,91
D	83,33	-0,06	$-1,26 \cdot 10^{-5}$	-3,36	185,57	0,36
A	100,00	-0,77	$-1,75 \cdot 10^{-5}$	-2,72	185,51	0,00
Safra3						
C	16,66	1,08	$4,11 \cdot 10^{-5}$	6,89	248,56	3,31
A	33,33	-0,77	$-1,75 \cdot 10^{-5}$	3,15	242,96	2,15
B	50,00	-0,38	$-5,78 \cdot 10^{-6}$	-0,51	239,68	1,31

...continua...

Tabela 12. Cont.

E	66,66	-0,77	$-1,75.10^{-5}$	-0,59	239,21	0,84
D	83,33	-0,06	$-1,26.10^{-5}$	-2,99	237,52	0,41
F	100,00	0,91	$1,23.10^{-5}$	-5,94	235,54	0,00
DRP						
Safra1						
F	16,66	0,43	$1,31.10^{-6}$	1,20	9,81	20,03
D	33,33	-0,05	$-6,62.10^{-7}$	0,64	8,76	13,60
B	50,00	-0,16	$-4,05.10^{-7}$	0,57	8,58	10,74
C	66,66	0,40	$1,83.10^{-6}$	-0,82	7,75	6,78
A	83,33	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	-0,57	7,28	3,25
E	100,00	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	-1,02	6,84	0,00
Safra2						
C	16,66	0,40	$1,83.10^{-6}$	0,21	12,88	5,03
F	33,33	0,43	$1,31.10^{-6}$	-0,19	12,50	3,48
E	50,00	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	0,29	12,25	2,28
D	66,66	-0,05	$-6,62.10^{-7}$	-0,15	12,05	1,27
A	83,33	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	0,07	12,03	0,61
B	100,00	-0,16	$-4,05.10^{-7}$	-0,22	11,87	$1,44. 10^{-14}$
Safra3						
C	16,66	0,40	$1,839.10^{-6}$	0,67	17,83	6,46
A	33,33	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	0,65	17,09	4,26
E	50,00	-0,30	$-1,04.10^{-6}$	0,52	16,96	3,26
F	66,66	0,43	$1,31.10^{-6}$	-0,95	16,23	1,68
B	83,33	-0,16	$-4,05.10^{-7}$	-0,37	16,21	0,70
D	100,00	-0,05	$-6,62.10^{-7}$	-0,52	16,16	0,00

Para as características reprodutivas, NIF ao longo da segunda e terceira safras e o NFR apenas para a terceira, os maiores ganhos genéticos foram observados na família D. Para os caracteres MCS o maior ganho foi da família F, na terceira safra (Tabela 13).

O estudo sobre dos ganhos de seleção para os caracteres avaliados, se torna uma informação importante e eficiente para seleção precoce usada potencialmente para identificação de clones (BELTRAME et al., 2012).

TABELA 13. Seleção em nível de médias de progênies para clones dentro das três safras, para os caracteres reprodutivos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Número de inflorescência (NIF); número de frutos/planta (NFR); massa de frutos (MFR); massa de cem sementes (MCS). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Familia	IS(%)	a	d	Prog x Med	m+a+d+ge	GS (%)
NIF						
Safra1						
A	16,66	0,862	$-3,92.10^{-7}$	1,978	29,76	10,55
D	33,33	1,130	$2,82.10^{-6}$	0,519	28,57	8,34
B	50,00	0,331	$1,01.10^{-6}$	0,550	27,80	6,65
E	66,66	0,862	$-3,92.10^{-7}$	-0,625	27,16	5,20
C	83,33	-1,049	$-1,52.10^{-6}$	-1,034	24,842	2,61
F	100,00	-2,138	$-1,52.10^{-6}$	-1,388	23,39	0,00
Safra2						
D	16,66	1,130	$2,82.10^{-6}$	6,449	53,02	16,60
A	33,33	0,862	$-3,92.10^{-7}$	3,658	49,96	13,30
B	50,00	0,331	$1,01.10^{-6}$	2,794	48,57	11,1
C	66,66	-1,049	$-1,52.10^{-6}$	-0,971	43,42	7,26
E	83,33	0,862	$-3,92.10^{-7}$	-6,618	39,68	3,27
F	100,00	-2,138	$-1,52.10^{-6}$	-5,312	37,99	$-1,56.10^{-14}$
Safra3						
D	16,66	1,130	$2,82.10^{-6}$	5,671	48,72	16,22
A	33,33	0,862	$-3,92.10^{-7}$	1,263	44,05	10,64
B	50,00	0,331	$1,01.10^{-6}$	0,963	43,21	8,12
E	66,66	0,862	$-3,92.10^{-7}$	-1,826	40,96	5,52
F	83,33	-2,138	$-1,52.10^{-6}$	-0,674	39,11	3,07
C	100,00	-1,049	$-1,52.10^{-6}$	-5,398	35,47	0,00
NFR						
Safra1						
C	16,66	$-8,88.10^{-5}$	$-8,90.10^{-5}$	12,50	69,96	21,76
F	33,33	$-4,32.10^{-5}$	$3,15.10^{-5}$	9,39	66,86	19,05
B	50,00	$5,94.10^{-5}$	$5,98.10^{-5}$	2,14	59,61	13,95
A	66,66	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	-3,44	54,01	8,96
D	83,33	$9,36.10^{-6}$	$8,36.10^{-5}$	-9,78	47,68	3,76
E	100,00	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	-10,81	46,64	0,00
Safra2						
B	16,66	$5,94.10^{-5}$	$5,98.10^{-5}$	7,209	102,21	7,58
F	33,33	$-4,3.10^{-5}$	$3,15.10^{-5}$	4,759	99,76	6,29
E	50,00	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	-1,218	93,79	3,77
C	66,66	$-8,88.10^{-5}$	$-8,90.10^{-5}$	-1,624	93,38	2,40
D	83,33	$9,36.10^{-6}$	$8,36.10^{-5}$	-3,139	91,86	1,26
A	100,00	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	-5,986	89,02	0,00
Safra3						
D	16,66	$9,36.10^{-6}$	$8,36.10^{-5}$	29,866	215,65	16,07
E	33,33	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	8,994	194,78	10,45
B	50,00	$5,94.10^{-5}$	$5,98.10^{-5}$	2,212	188,00	7,36
A	66,66	$3,16.10^{-5}$	$-4,30.10^{-5}$	0,828	186,61	5,63
F	83,33	$-4,32.10^{-5}$	$3,15.10^{-5}$	-8,972	176,81	3,54
C	100,00	$-8,88.10^{-5}$	$-8,90.10^{-5}$	-32,930	152,85	0,00

...continua...

Tabela 13. Cont.

MCS						
Safra1						
B	16,66	$5,881.10^{-6}$	0,19	6,848	63,08	12,56
F	33,33	$6,439.10^{-6}$	0,21	4,928	61,19	10,87
D	50,00	$-5,32.10^{-6}$	0,10	1,506	57,65	8,20
A	66,66	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	-2,104	53,77	5,14
C	83,33	$-2,98.10^{-6}$	-0,19	-5,315	50,53	2,15
E	100,00	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	-5,863	50,02	0,00
Safra2						
A	16,66	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	6,865	72,83	10,13
D	33,33	$-5,32.10^{-6}$	0,10	6,004	72,23	9,68
B	50,00	$5,88.10^{-6}$	0,19	-2,329	63,99	5,38
C	66,66	$-2,98.10^{-6}$	-0,19	-2,481	63,45	3,02
E	83,33	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	-2,612	63,35	1,58
F	100,00	$6,43.10^{-6}$	0,21	-5,445	60,90	0,00
Safra3						
F	16,66	$6,43.10^{-6}$	0,21	11,03	71,25	18,75
B	33,33	$5,88.10^{-6}$	0,19	4,57	64,77	13,35
A	50,00	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	-3,00	56,83	7,14
D	66,66	$-5,32.10^{-6}$	0,10	-3,46	56,63	3,95
E	83,33	$-2,00.10^{-6}$	-0,16	-4,25	55,58	1,69
C	100,00	$-2,98.10^{-6}$	-0,19	-4,88	54,92	0,00

3.2.2 Seleção individual para potenciais clones

A seleção individual de progênies com potencial para novos clones para as características vegetativas e reprodutivas encontram-se expostos, nas tabelas 14 e 15.

Com base nos valores genotípicos preditos e no ganho de seleção superior, as progênies foram ranqueadas em ordem decrescente e dentre elas foram selecionadas as 10 melhores progênies como potenciais clones (Tabela 14).

Os dados obtidos indicaram um comportamento similar para a maioria das características vegetativas e reprodutivas das progênies quando aplicada a seleção para potenciais genitores e potenciais clones.

Em relação às características vegetativas: altura da primeira ramificação (AL1R) foi possível constatar ganhos mais expressivos, de maneira geral, para as progênies pertencentes à família D, com 90% dos indivíduos ranqueados, e a progênie com maior ganho foi a D15. O ganho de seleção da melhor progênie selecionada para a de menor ganho é de 0,34%. Para DRP os maiores ganhos foram observados para progênies das famílias F e C, com participação de 50% de ambas no ranqueamento. Dentre o ranqueamento, a progênie F07

possui o maior ganho e a variação do seu ganho para a última colocada é de 1,31% (Tabela 14).

TABELA 14. Seleção individual de progênes para clones, em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Características vegetativas: altura da primeira ramificação (AL1R); diâmetro de três ramos primários (DRP). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Progênie Individual	IS(%)	a	d	m+a+d	GS (%)
AL1R					
D15	0,93	$5,57.10^{-6}$	0,22	13,64	1,71
D12	1,85	$5,24.10^{-6}$	0,21	13,62	1,65
D18	2,78	$4,77.10^{-6}$	0,19	13,60	1,59
D06	3,70	$4,61.10^{-6}$	0,18	13,59	1,54
D13	4,63	$4,47.10^{-6}$	0,18	13,58	1,50
D01	5,56	$4,21.10^{-6}$	0,17	13,57	1,46
D17	6,48	$4,17.10^{-6}$	0,16	13,57	1,43
D11	7,41	$4,05.10^{-6}$	0,16	13,57	1,41
B01	8,33	$2,37.10^{-6}$	0,16	13,57	1,39
D14	9,26	$3,97.10^{-6}$	0,16	13,56	1,37
DRP					
F07	0,93	0,78	$6,74.10^{-6}$	13,18	6,32
F18	1,85	0,72	$5,78.10^{-6}$	13,12	6,07
C08	2,78	0,69	$6,28.10^{-6}$	13,09	5,90
C07	3,70	0,68	$6,24.10^{-6}$	13,08	5,80
C02	4,63	0,59	$4,75.10^{-6}$	12,99	5,59
C18	5,56	0,57	$4,48.10^{-6}$	12,97	5,43
F01	6,48	0,55	$3,14.10^{-6}$	12,95	5,29
F08	7,41	0,55	$3,00.10^{-6}$	12,94	5,18
C01	8,33	0,54	$4,01.10^{-6}$	12,94	5,09
F18	9,26	0,53	$2,79.10^{-6}$	12,93	5,01

Em contrapartida, para a característica reprodutiva número de inflorescências (NIF), os ganhos maiores são encontrados em duas famílias: A e D. Dentre os selecionados, 80% dos indivíduos pertencem à família D, e a progênie D02 obteve o maior ganho. Nos 20% restantes do ranqueamento as progênes provenientes são da família A (A15 e A16).

Ao realizar a otimização de seleção visa-se maximizar a diversidade genética na população, reduzir a endogamia e maximizar os ganhos genéticos para o próximo ciclo seletivo. Desta forma, selecionam-se as melhores progênes e os melhores indivíduos dentro de cada família, com o objetivo de maximizar o ganho genético e minimizar o coeficiente de endogamia (NOGUEIRA, 2019).

TABELA 15. Seleção individual de progênes para clones, em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L., em três safras. Característica reprodutiva: número de inflorescências (NIF). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Progênie Individual	IS(%)	a	d	m+a+d	GS (%)
NIF					
D02	0,93	2,11	$6,52 \cdot 10^{-6}$	40,20	5,55
D03	1,85	1,94	$5,88 \cdot 10^{-6}$	40,03	5,32
D10	2,78	1,68	$4,88 \cdot 10^{-6}$	39,76	5,02
A15	3,70	1,66	$2,62 \cdot 10^{-6}$	39,75	4,85
D08	4,63	1,66	$4,81 \cdot 10^{-6}$	39,75	4,75
A16	5,56	1,53	$2,11 \cdot 10^{-6}$	39,62	4,63
D07	6,48	1,53	$4,31 \cdot 10^{-6}$	39,61	4,54
D13	7,41	1,52	$4,29 \cdot 10^{-6}$	39,61	4,47
D12	8,33	1,43	$3,95 \cdot 10^{-6}$	39,52	4,39
D11	9,26	1,41	$3,88 \cdot 10^{-6}$	39,50	4,32

4 CONCLUSÕES

As características vegetativas e reprodutivas avaliadas em três safras, nas progênes de irmãos completos de pinhão manso possuem baixa variabilidade genética na população estudada, corroborada pelas baixas magnitudes dos parâmetros genéticos, em especial as variâncias genéticas e as herdabilidades.

Para a característica vegetativa diâmetro médio de ramos primários (DRP) os mesmos indivíduos selecionados podem ser usados tanto para genitores como para clones.

A seleção individual de progênes com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para os caracteres vegetativos as progênes pertencentes à família C.

A seleção individual de progênes com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou para a característica reprodutiva, número de inflorescências (NIF), as progênes pertencentes à família D.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACHTEN, W. M. J.; VERCHOT, L.; FRANKEN, Y. J.; MATHIJS, E.; SINGH, V. P.; AERTS, R.; MUYS, B. *Jatropha* bio-diesel production and use. **Biomass and Bioenergy**, Oxford, v. 32, n. 12, p. 1063-1084, 2008. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0961953408000767>. Acesso em: 22 abr. 2020.
- ALMEIDA, C. L. P. de. **Índices multivariados e blup multisafras na seleção de genótipos de goiabeira**. 2017. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2017.
- ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; FORMIGHIERI, E. F.; CARELS, N. Perennial plants for biofuel production: bridging genomics and field research. **Biotechnology Journal**, Weinheim, v. 10, n. 4, p. 505-507, 2015. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/biot.201400201>. Acesso em: 10 maio 2020.
- AMINUL ISLAM, A. K. M.; ANUAR, N.; YAAKOB, Z.; GHANI, J. A.; OSMAN, M. Diallel analysis for seed yield and related traits in an energy crop *Jatropha curcas*. **Sains Malaysiana**, v. 44, n. 7, p. 979-986, 2015.
- ATROCH, A. L.; NASCIMENTO FILHO, F.; RESENDE, M. D. V. Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal. **Revista de Ciências Agrárias**, Manaus, v. 56, n. 4, p. 347-352, out./dez. 2013. Disponível em: [file:///C:/Users/Joyce/Downloads/901-Texto%20do%20artigo-5583-1-10-20131205%20\(2\).pdf](file:///C:/Users/Joyce/Downloads/901-Texto%20do%20artigo-5583-1-10-20131205%20(2).pdf). Acesso em: 22 maio 2020.
- BELEWU, M. A.; OGUNSOLA, F. O. Haematological and serum indices of goat fed fungi treated *Jatropha curcas* kernel cake in a mixed ration. **Journal of Agricultural Biotechnology and Sustainable Development**, v. 2, n. 3, p. 35-38, 2010. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/JABSD/article-full-text-pdf/5B33F36587>. Acesso em: 10 abr. 2020.
- 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, n. 1, p. 260-265, Jan. 2013. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/257372077_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. Acesso em: 22 maio 2020.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiae**. Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010. Disponível em: <http://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/4837>. Acesso em: 10 abr. 2020.

BRASIL. Ministério da Agricultura. **Regras para análises de sementes**. Brasília, DF: Mapa/ACS, 2009.

BRITTAINE, R.; LUTALADIO, N. **Jatropha**: a smallholder bioenergy crop: the potential for pro-poor development. Rome: FAO, 2010. p. 1-12. *Integrated Crop Management*, v. 8.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 2012.

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: Ed. UFV, 2007.

DIVAKARA, B. N.; UPADHYAYA, H. D.; WANI, S. P.; GOWDA, C. L. L. Biology and genetic improvement of *Jatropha curcas* L.: a review. **Applied Energy**, London, v. 87, n. 3, p. 732-742, 2010. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/222705613_Biology_and_genetic_improvement_of_Jatropha_curcas_L_A_review. Acesso em: 20 maio 2020.

DUARTE, A. B.; GOMES, W. S.; NIETSCHE, S.; PEREIRA, M. C. T.; RODRIGUES, B. R. A.; FERREIRA, L. B.; PAIXÃO, P. M. T. Genetic diversity between and within full-sib families of *Jatropha* using ISSR markers. **Industrial Crops and Products**, v. 124, n. 15, p. 899-905, 2018. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669018307659>. Acesso em: 22 abr. 2020.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 1987.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: Ed. UFV, 2010.

FRANCIS, G.; OLIVER, J.; STEVANATO, P.; SUJATHA, M. Apomixis as a tool for development of high yielding clones and selections in *Jatropha curcas* L. **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 67, n. 5, p. 727-743, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00851-0>. Acesso em: 25 maio 2020.

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

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H. O.; RESENDE, M. D. V. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão-manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 61, p. 25-35, jan./abr. 2010. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/24185/1/PFB31-3.pdf>. Acesso em: 20 maio 2020.

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

KÖPPEN, W. **Climatologia**: con un estudio de los climas de La Tierra. México: Fondo de Cultura Economica, 1948.

KUMAR, A.; SHARMA, S. An evaluation of multipurpose oil seed crop for industrial uses (*Jatropha curcas*): a review. **Industrial Crops and Products**, v. 28, n. 1, p. 1-10, 2008.

Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/222689791_An_evaluation_of_multipurpose_oil_seed_crop_for_industrial_uses_Jatropha_curcas_L_A_review. Acesso em: 10 maio 2020.

KUMAR, V.; MAKKAR, H. P. S.; BECKER, K. Dietary inclusion of detoxified *Jatropha curcas* kernel meal: effects on growth performance and metabolic efficiency in common carp, *Cyprinus carpio* L. **Fish Physiology and Biochemistry**, Amsterdam, 2010. Disponível em: <http://www.springerlink.com/content/d3g8710233x51811/fulltext.pdf>. Acesso em: 24 mar. 2020.

LAVIOLA, B. G.; ALVES, A. A.; GURGEL, F. L.; ROSADO, T. B.; COSTA, R. D.; ROCHA, R. B. Estimate of genetic parameters and predicted gains with early selection of physic nut families. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 163-170, Mar./Apr. 2012. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/262470044_Estimate_of_genetic_parameters_and_predicted_gains_with_early_selection_of_physic_nut_families. Acesso em: 22 maio 2020.

LAVIOLA, B. G.; OLIVEIRA, A. M. C.; BHERING, L. L.; ALVES, A. A.; ROCHA, R. B.; GOMES, B. E. L.; CRUZ, C. D. Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing the degree of certainty in predicting the best families. **Industrial Crops and Products**, v. 51, p. 70-76, Nov. 2013b. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0926669013004330>. Acesso em: 10 maio 2020.

LAVIOLA, B. G.; ROCHA, R. B.; KOBAYASHI, A. K.; ROSADO, T. B.; BHERING, L. L. Genetic improvement of *Jatropha* for biodiesel production. **Ceiba**, v. 51, n. 1, p. 1-10, May, 2012. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/265201624_Genetic_Improvement_of_Jatropha_for_Biodiesel_Production. Acesso em: 10 abr. 2020.

LAVIOLA, B. G.; RODRIGUES, E. V. (Ed.). **Pinhão-manso**: pesquisas, conhecimentos e práticas. Brasília, DF: Embrapa Agroenergia, 2019.

LAVIOLA, B. G.; SILVA, S. D. dos A. e; JUHÁSZ, A. C. P.; ROCHA, R. B.; OLIVEIRA, R. J. P. de; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agrônomico e ganho genético pela seleção de pinhão-manso em três regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 5, p. 356-363, maio 2014.

MAIA, M. C. C.; ALMEIDA, A. S.; MEDINA-MACEDO, L.; VASCONCELOS, L. F. L.; LACERDA, M. N. Repetibilidade em população de trabalho de cajuí via

REML/BLUP em Parnaíba, Piauí. *In*: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 23., 2014, Cuiabá. **Anais... [...]**. Cuiabá: SBF, 2014. p. 1-4. 1 CD-ROM.

MENDONÇA, S.; LAVIOLA, B. G. **Uso potencial e toxidez da torta de pinhão-manso**. Brasília, DF: Embrapa Agroenergia, 2009. Comunicado Técnico, 1.

MORAIS, D. L. B. **Parâmetros genéticos e seleção entre famílias de meio irmãos de *Jatropha curcas* L.** 2013. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal no Semiárido)- Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, 2013.

NASS, L.; PEREIRA, A.; ELLIS, D. Biofuels in Brazil: an overview. **Crop Science**, v. 47, n. 6, p. 2228-2237, Nov. 2007. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/43263498_Biofuels_in_Brazil_An_Overview. Acesso em: 10 jan. 2020.

NIETSCHKE, S.; VENDRAME, W. A.; CRANE, J. H.; PEREIRA, M. C. T. Assessment of reproductive characteristics of *Jatropha curcas* L. in South Florida. **GCB Bioenergy**, v. 6, p. 351-359, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/gcbb.12051>. Acesso em: 20 maio 2020.

NOGUEIRA, T. A. P. C.; NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A.; TAKAHASHI, E. K.; RESENDE, M. D. V.; CORRADI, I. S. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 47, n. 123, p. 451-462, set. 2019. Disponível em: <https://www.ipef.br/publicacoes/scientia/nr123/cap07.pdf>. Acesso em: 10 abr. 2020.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2006.

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**, Berlin, v. 22, n. 5, p. 697-709, 2008. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/225735003_Genetic_associations_variability_and_diversity_in_seed_characters_growth_reproductive_phenology_and_yield_in_Jatropha_curcas_L_accessions. Acesso em: 28 jan. 2020.

REIS, M. V. M.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; CAMPOS, T. O.; DIEGUES, I. P.; FREITAS, S. C. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 412-420, Abr./June. 2015. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902015000200412&lng=en&nrm=iso. Acesso em: 30 março 2020.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

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

ROCHA, M. A. M. **Instruções técnicas para a cultura do pinhão manso**. Vitória: Incaper, 2011.

SERA, T. Coffee genetic breeding at IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 2, p. 179-199, 2001. Disponível em: <http://sbmp.org.br/cbab/siscbab/uploads/bd6bba91-9ff1-43f0.pdf>. Acesso em: 10 abr. 2020.

SILVA, L. E. **Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula**. 2015. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2015.

SINGH, S.; PRAKASH, A.; CHAKRABORTY, N. R.; WHEELER, C.; AGARWAL, P. K.; GHOSH, A. Trait selection by path and principal component analysis in *Jatropha curcas* for enhanced oil yield. **Industrial Crops and Products**, v. 86, p. 173-179, 2016. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20163166751>. Acesso em: 10 abr. 2020.

SOARES, E. B.; GOMES, R. L. F.; CAMPELO, J. E. G.; LOPES, Â. C. A.; MATOS FILHO, C. H. A. Repetibilidade e correlações entre caracteres morfo-agronômicos de cajazeira. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 6, p. 1851-1857, 2008. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1413-70542008000600025. Acesso em: 20 maio 2020.

SPINELLI, V. M.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, v. 69, p. 355-361, July, 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669015001193>. Acesso em: 10 maio 2020.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fito-melhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

ZAMBRANO, F.; DELGADO, K.; SILVA, H.; NOMURA, R. B.; ANDRADE, D. S.; ZUCARELI, C. Extração e avaliação do óleo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) oriundo das cercas vivas de Manabí, Equador. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, Curitiba, v. 4, p. 55-70, 2015. Disponível em: Acesso em: https://revistas.ufpr.br/rber/article/view/37755/pdf_43. Acesso em: 20 maio 2020.

Capítulo II

Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres produtivos em famílias de irmãos completos de Pinhão manso

RESUMO

SILVA, Joseilton Faria. **Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres produtivos em famílias de irmãos completos de Pinhão manso**. 2020. Cap. II. 76 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal no Semiárido) - Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba – MG.

Promissora oleaginosa encontrada em quase todas as regiões intertropicais de ocorrência natural e em todo o território brasileiro o pinhão manso (*Jatropha curcas* L.), se apresenta como uma alternativa para potencializar a produção de biodiesel. Objetivou-se estimar parâmetros genéticos de caracteres produtivos em seis progênies de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. para fins de seleção. De maneira geral, constatou-se um predomínio dos efeitos ambientais sobre os componentes genéticos para a maioria das características avaliadas. A característica de torta oriunda de cem sementes apresentou estimativa de herdabilidade aditiva alta. Os componentes de BLUP Individual para seleção das melhores progênies para uso como genitores potenciais foram muito similares aos valores para seleção das melhores progênies para uso como clones potenciais. A família F foi a que mais contribuiu na seleção de clones e genitores potenciais entre os caracteres avaliados. A progênie F09 é o melhor indivíduo para ser explorado como genitor e para propagação vegetativa (clones).

Palavras-chaves: *Jatropha curcas* L., herdabilidade, biodiesel, pinhão manso, irmãos germanos, teor de óleo.

ABSTRACT

SILVA, Joseilton Faria. **Estimates of genetic parameters of productive traits in families of complete siblings of jatropha.** 2020. Chap. II. 76 p. Thesis (Doctor's Degree in Plant Production in the Semi-Arid Region) - State University of Montes Claros, Janaúba - MG.

A promising oilseed found in almost all naturally occurring intertropical regions and throughout the Brazilian territory, *Jatropha curcas* L. is an alternative to enhance the production of biodiesel. The objective was to estimate genetic parameters of productive traits in six progenies of complete siblings of *Jatropha curcas* L. for selection purposes. In general, there was a predominance of environmental effects on genetics components for most of the characteristics evaluated. The pie characteristic from hundred seeds showed an estimate high additive heritability. The individual BLUP components for selecting the best progenies for use as potential parents were very similar to the values for selecting the best progenies for use as potential clones. The F family contributed most to the selection of clones and potential parents among the evaluated characters. The F09 progeny is the best individual to be explored as a parent and for vegetative propagation (clones).

Keywords: *Jatropha curcas* L., heritability, biodiesel, jatropha, germanic siblings, oil content.

1 INTRODUÇÃO

A necessidade do aumento em larga escala da produção de bicompostíveis, em razão da alta demanda mundial por fontes de energias renováveis, coloca o Brasil numa situação bastante privilegiada, pois o país, além de se situar numa região tropical possui grandes áreas agricultáveis, com excelentes condições edafoclimáticas para produção de biomassa destinada à produção de bicompostíveis, todavia sem competir diretamente por áreas destinadas à produção de alimentos (BRITTAINE e LUTALADIO, 2010; MIURA et al., 2011; LAVIOLA; RODRIGUES, 2019).

O pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) encontrado em quase todas as regiões intertropicais de ocorrência natural em todo o território brasileiro é considerada uma promissora oleaginosa como alternativa para a produção de biodiesel e mais recente uso e aproveitamento econômico da torta com agregador de valor à cadeia de produção (LAVIOLA et al., 2014). A espécie é classificada como semidomesticada e em várias regiões do mundo e grande parte dos plantios comerciais os materiais vegetais implantados são geneticamente desconhecidos, desuniformes e não possuem garantias mínimas quanto à adaptabilidade ambiental e produtividade de cada genótipo (DIAS et al., 2007; RAO et al., 2008).

O melhoramento do pinhão manso é muito recente e um dos primeiros e mais relevantes passos está na avaliação do germoplasma e caracterização da variabilidade genética. Indivíduos de uma população podem ser avaliados pelo desempenho da sua progênie, conhecida também por família, e dentre as estratégias de desenvolvimento, podem optar por progênies de autofecundação, irmãos completos e meios-irmãos (FEHR, 1987).

Entretanto, em determinadas espécies de plantas não é possível obter populações segregantes derivadas de linhagens endogâmicas, devido à autoincompatibilidade, depressão endogâmica ou longo período juvenil (BHERING, 2013). Dessa forma, em tais espécies é preciso empregar delineamentos genéticos de populações exogâmicas como Famílias de Meio Irmãos (FMI) e Famílias de Irmãos Completos (FIC).

Estudos têm indicado o uso de famílias meios-irmãos com significativos ganhos na seleção, desde produtividade e estabilidade ao longo do tempo (SPINELLI et al., 2015) e interação significativa entre genótipo e ambiente, quanto à produção de grãos e seleção das melhores famílias nos diferentes ambientes (LAVIOLA et al., 2014).

Entretanto, estimativas de parâmetros genéticos em famílias de irmãos completos (FIC) de pinhão manso são escassos e não temos conhecimento dos efeitos do uso de acasalamentos aparentados e da endogamia sobre os ganhos genéticos. Diante do exposto, o

presente trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* para fins de seleção e fornecer subsídios para o programa de melhoramento genético dessa espécie.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização da área experimental

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental e no Laboratório de Biotecnologia da Universidade Estadual de Montes Claros (UNIMONTES) localizados no município de Janaúba, estado de Minas Gerais, Brasil, situado a uma altitude de 510 m, latitude: 15° 48' 13" S e longitude: 43° 19' 3" O. O clima da região é do tipo Aw (tropical chuvoso, savana com inverno seco), caracterizado por um verão chuvoso e inverno seco, conforme a classificação de Köppen (1948). O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho eutrófico.

2.2 Material genético e obtenção das progênes de irmãos completos

Os genitores utilizados no presente estudo foram selecionados por Moraes (2013) por apresentarem boa produção de sementes, bem como elevada produção de óleo. As hibridações artificiais foram realizadas e foram realizados seis cruzamentos biparentais dando origem a seis famílias de irmãos completos com 18 indivíduos em cada família (JUHÁSZ et al., 2009) (Tabela 1).

TABELA 1. Descrição dos cruzamentos realizados em campo para obtenção de seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas*, Janaúba, Brasil.

Família	Genitores/cruzamentos	Município de origem dos genitores	Identificação das progênes
A	Acesso73♀ x Acesso64♂	Janaúba x Araçuaí	A1 a A18
B	Acesso27♀ x Acesso23♂	Janaúba x Janaúba	B1 a B18
C	Acesso27♀ x Acesso74♂	Janaúba x Janaúba	C1 a C18
D	Acesso74♀ x Acesso 64♂	Janaúba x Araçuaí	D1 a D18
E	Acesso 23♀ x Acesso27♂	Janaúba x Janaúba	E1 a E18
F	Acesso23♀ x Acesso 56♂	Janaúba x Carbonita	F1 a F18

As sementes obtidas foram coletadas, semeadas em vasos de cinco litros, contendo substrato de esterco bovino, terra, areia, e adubo mineral (N-P-K) e distribuído em casa de vegetação. As mudas produzidas em viveiro de telado foram conduzidas para o plantio em campo seis meses após a semeadura, no mês de abril de 2015.

2.3 Delineamento experimental e manejo cultural

As mudas foram plantadas na Fazenda Experimental da Unimontes. O ensaio em campo foi composto por seis famílias de irmãos completos e seguiu o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e seis plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 4,0 x 2,0 m, a irrigação realizada semanalmente, por microaspersão com um microaspersor por planta, com vazão de 70 L/h, com duração de duas horas. Os tratamentos culturais (adubação, controle pragas, doenças e ervas daninhas) foram executados seguindo recomendação de Rocha (2011). Os dados coletados no presente estudo foram referentes ao ano de 2018.

2.4 Caracteres avaliados

As características produtivas analisadas foram coletadas na terceira safra, correspondente ao terceiro ano após o plantio:

Produtividade (PROD) ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$): estimada multiplicando da produção de frutos da planta pelo número de plantas em um hectare (ha), considerando o espaçamento adotado;

Óleo extraído de cem sementes (OCS) em gramas (g): A quantidade de óleo extraído foi obtida através da metodologia proposta por Zambrano et al. (2015);

Quantidade de óleo extraído por ha (OLT) - ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) – estimado através da multiplicação do óleo extraído das sementes de todos os frutos colhidos da planta pelo número de plantas presente em um hectare (ha);

Torta de cem sementes (TCS) – obtida através da pesagem do resíduo após extração do óleo das cem sementes (g);

Quantidade de torta (QT) - ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) - estimada através da multiplicação da torta obtida após a extração de óleo das sementes de todos os frutos colhidos da planta pelo número de plantas presente em um hectare (ha).

2.5 Análises genético-estatísticas

Os caracteres foram analisados via Modelos Mistos considerando o modelo indicado por Resende (2002), procedimento REML/BLUP. Para estimativa de parâmetros genéticos via REML e para predição de ganhos com a seleção via BLUP (RESENDE, 2002; 2007). O modelo utilizado foi o 147, do programa Selegen, descrito a seguir:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Componentes de variância (REML Individual) apresentados são: Vg: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{dentro}: variância residual dentro de parcela.

V_f: variância fenotípica individual

($h^2_a = h^2$): herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

A_{prog}: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância

Média geral do experimento.

Para predição de ganhos com a seleção via BLUP foram selecionados os indivíduos que apresentaram os melhores ganhos genéticos na seleção.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos cinco caracteres produtivos avaliados, a torta oriunda de cem sementes (TCS) apresentou maior contribuição da variância genética entre as progênes avaliadas (Tabela 2).

Para as demais características produtivas o componente da variância residual dentro das parcelas foi o componente que mais contribuiu com a variância fenotípica individual. Os valores foram de 63,91% para a produtividade 69,70% para óleo extraído de cem sementes e 60,77% para óleo total (Tabela 2). Considerando as características avaliadas era esperado que os efeitos do ambiente fossem majoritários. A produtividade e os teores de óleo são características reconhecidas como altamente influenciadas pelo ambiente pelo seu caráter quantitativo e determinado por muitos genes e cuja determinação final leva longos períodos em campo (ALMEIDA, 2017; LAVIOLA, 2010).

A característica que apresentou a maior contribuição dos efeitos genéticos sobre os ambientais está associada à massa da torta. Os resultados da produção da torta a partir de cem sementes foi o caractere pelo qual se encontra os melhores parâmetros genéticos para fins de seleção. Na composição da Vf, a maior contribuição foi da Vg, com 51,04% da variação fenotípica individual e com as seguintes estimativas de herdabilidade: h^2_a de 102%, h^2_{mp} de 87,00% e h^2_{ad} de 160,00%. Outros parâmetros chamaram atenção como: a alta magnitude da acurácia da seleção de progênes (93,00%) e a magnitude média do coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas (17,00%), indicando variação ambiental média entre parcelas e dentro do bloco e eficiência do delineamento adotado, bem como para o número de blocos e para número de parcelas por bloco (Tabela 2).

A característica TCS apresentou alta herdabilidade no sentido restrito e variação genotípica disponível, sugerindo a possibilidade de ganhos genéticos de origem aditivas relativamente altos, ou seja, características altamente herdáveis que garante confiabilidade dos ganhos genéticos para cruzamentos futuros. Esses resultados são importantes quando se busca o ganho genético para fins de produção de torta.

De acordo Mendonça e Laviola (2009), o uso da torta de pinhão manso para produção de ração animal e a busca em torná-lo um produto atóxico, tem despertado muito interesse do melhoramento nos últimos anos, em promover a viabilização econômica e o potencial na geração de renda oriundos da exploração da torta (KUMAR et. al, 2010; BELEWUE OGUNSOLA, 2010).

TABELA 2. Estimativas dos componentes de variância (REML Individual), para os caracteres produtivos em seis famílias de irmãos completos de *Jatropha curcas* L. Produtividade (PROD); óleo extraído de cem sementes (OCS); óleo total (OLT); torta oriunda de cem sementes (TCS); quantidade de torta (QT). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Parâmetros	Caracteres Produtivos				
	PROD	OCS	OLT	TCS	QT
Vg	143,05	0,03	16,33	62,66	134,04
Vparc	27.774,93	2,43	1.861,15	21,08	13.991,03
Vdent	49.459,02	5,66	2.908,87	39,01	18.123,16
Vf	77.377,01	8,12	4.786,36	122,76	32.248,24
h²a	0,0036 +- 0,02	0,0084+- 0,03	0,0068 +- 0,03	1,0208+- 0,39	0,0083 +- 0,03
c²parc	0,35	0,29	0,38	0,17	0,43
h²mp	0,01	0,02	0,02	0,87	0,02
Acpr	0,10	0,17	0,14	0,93	0,15
h²ad	0,00	0,00	0,00	1,60	0,00
Média geral	470,85	14,69	104,67	43,27	294,51

*Vg: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia. Vparc: variância ambiental entre parcelas. Vdent: variância residual dentro de parcela. Vf: variância fenotípica individual. h²a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância. c²parc = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas. h²mp: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa. Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa. h²ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância. Média geral do experimento.

3.1 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual) para clones

Dentre as características produtivas analisadas, o melhor ganho individual obtido foi para a TCS. O resultado encontrado torna promissor o uso desse caractere no processo de seleção dos prováveis clones, pois aumenta as possibilidades de se encontrar, dentro destas populações, indivíduos que acrescentem alelos favoráveis para este caractere (SILVA, 2015).

Nas tabelas 3, 4 e 5 estão identificadas as melhores progênies e os melhores indivíduos, para uso como clones potenciais ou como possíveis genitores para o próximo ciclo de recombinação, em função dos maiores ganhos genéticos com a aplicação do índice de seleção de 10, 15 e 30% para a característica selecionada.

Para TCS com índice de seleção de 10%, quatro famílias foram selecionadas (A, B, E, F) e onze indivíduos se destacaram com maiores ganhos genéticos. A família F contribuiu com três indivíduos selecionados e o indivíduo F09 obteve o maior ganho. Com os índices de 15%, dezesseis indivíduos foram selecionados dentre as famílias A e F e 50% dos indivíduos selecionados com maiores ganhos são provenientes da família F. Para o índice de 30%, cinco famílias foram selecionadas (A, B, C, E e F), a família F possui 50% dos indivíduos seguida pelas famílias B com 25%, e A com 12,5%.

Características que proporcionam os maiores ganhos genéticos são utilizadas para seleção de clones e os indivíduos selecionados podem ser propagados assexuadamente, assim, eles preservarão as características genóticas da planta mãe, que são fixados via propagação vegetativa (DIAS et al., 2007).

TABELA 3. Componentes de Média (BLUP Individual), seleção das melhores progênes para uso como clones potenciais de *Jatropha curcas* L., na 3ª safra em relação ao caractere torta oriunda de cem sementes (TCS). Janaúba, Minas Gerais, 2020.

IS(%)	Ordem	Família	Indivíduo	g	u+g	GS(%)
10	1	F	09	24,59	67,87	36,23
.	2	E	01	24,25	67,53	36,07
.	3	F	03	23,50	66,77	35,78
.	4	B	14	19,27	62,54	34,60
.	5	F	01	19,10	62,38	33,84
.	6	B	08	18,91	62,19	33,30
.	7	E	02	17,95	61,23	32,76
.	8	B	06	17,56	60,84	32,29
.	9	B	05	16,89	60,16	31,85
.	10	A	07	15,43	58,71	31,33
.	11	F	02	14,95	58,23	30,85
15	16	F	01	12,93	56,20	28,95
.
.
.
30	32	F	04	7,31	50,58	24,00
.
.
.
100	105	A	10	-80,81	-37,53	0,45

f: valor fenotípico individual; g: efeito genotípico predito; $\mu + g$: valor genotípico predito; GS: ganho de seleção.

3.2 Seleção das famílias para clones e genitores

A seleção em nível de populações proporcionou menores ganhos genéticos para as características avaliadas em comparação com a seleção individual. As melhores famílias que obteve os maiores ganhos na seleção para a característica TCS foram as famílias F e B. Os resultados obtidos demonstram para o uso futuro destas famílias como clones e cruzamentos (Tabela 4).

TABELA 4. Componentes de Média (BLUP) para seleção das melhores famílias de *Jatropha curcas* L. na 3ª safra em relação aos caracteres: torta oriunda de cem sementes (TCS); Janaúba, Minas Gerais, 2020.

Ordem	Família	g	GS(%)
TCS			
1	F	11,48	20,96
2	B	6,33	17,05
3	D	-2,83	10,33
4	C	-3,10	6,40
5	A	3,39	3,75
6	E	-8,46	0,00

*g: efeito genotípico predito;

3.3 Análise dos componentes de Média (BLUP Individual) para genitores

De maneira geral, os componentes de (BLUP Individual) para seleção das melhores progênes para uso como genitores potenciais em relação à característica TCS, foram muito similares aos valores e do BLUP Individual para seleção das melhores progênes para uso como clones potenciais (Tabela 5).

No ranqueamento dos melhores indivíduos de cada família houve concordâncias para os indivíduos posicionados como clones que estão dispostos na tabela 3, no índice de 10% de seleção, três famílias foram selecionadas (A, B e E) e 81,82% dos indivíduos selecionados são similares aos encontrados para uso como clones, a exceção são para a presença dos indivíduos F18 e F14 no índice mencionado. No índice de 15% de seleção, a família F participa com 68,75% dos indivíduos. Contudo, quando se aplica um índice de 30% de seleção encontra-se quatro famílias sendo elas A, B, E e a F, entretanto, 53,12% dos indivíduos selecionados pertence a família F, 28,62% pertence a família B, 12,50% são da A e 6,25% da família E.

Desta maneira, os resultados para a seleção das melhores progênes para uso como clones poderão ser aplicados para a seleção das melhores progênes para uso como genitores para futuras recombinações, exceto para família C.

Nos programas de melhoramento, os valores genotípicos altos devem ser priorizados, pois são os verdadeiros valores a serem preditos e os índices de seleção aplicados, permite a classificação correta dos genótipos, considerando diversos caracteres simultaneamente. A classificação deve ser bem feita, para que se efetue a seleção dos genótipos superiores para um conjunto de caracteres (GARCIA e SOUZA JÚNIOR, 1999; BORGES et al., 2010).

TABELA 5. Componentes de Média (BLUP Individual), seleção das melhores progênies de *Jatropha curcas* L., na 3ª safra para uso como genitores potenciais, em relação à característica torta oriunda de cem sementes (TCS). Janaúba, Minas Gerais, Brasil, 2020.

IS(%)	Ordem	Família	Indivíduo	g	u+g	GS(%)
10	1	F	09	20,84	64,12	32,51
.	2	F	03	20,06	63,34	32,09
.	3	F	13	16,92	60,20	30,82
.	4	B	14	15,57	58,85	29,78
.	5	B	08	15,32	58,60	29,08
.	6	E	01	14,90	58,18	28,52
.	7	B	06	14,35	57,63	28,03
.	8	F	02	13,96	57,24	27,59
.	9	B	05	13,87	57,15	27,24
.	10	F	18	13,71	56,99	26,93
.	11	F	14	13,30	56,57	26,63
15	16	F	11	12,01	55,29	25,31
.
.
.
30	32	A	09	5,56	48,83	21,11
.
.
.
100	105	A	10	-58,69	-15,42	0,45

*f: valor fenotípico individual; g: efeito genotípico predito; $\mu + g$: valor genotípico predito.

Diante dos resultados obtidos nesse estudo, foi possível identificar e inferir através dos parâmetros genéticos estimados dos caracteres de progênies de seis famílias de irmãos completos de *J. curcas*, que para a maioria das características produtivas foi observada uma baixa contribuição da variância genética entre progênies e conseqüentemente uma importante contribuição da variância ambiental, com exceção para a característica torta de cem sementes. E ao utilizar esta característica com maior ganho genético foi possível identificar clones potenciais, melhores genitores a nível individual e de famílias para uso em futuras seleções ou

cruzamentos, além de fornecer conhecimentos para programas de melhoramento genético da espécie.

4 CONCLUSÕES

Os maiores ganhos genéticos na avaliação da população de seis famílias de irmãos completos de *J. curcas* L. para os caracteres produtivos foi de torta de cem sementes.

A família F foi a que mais contribuiu na seleção de potenciais clones e genitores entre os caracteres avaliados.

A progênie F09 é o melhor indivíduo para ser explorado como genitor e para propagação vegetativa (clones).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACHTEN, W. M. J.; NIELSEN, L. R.; AERTS, R.; LENGKEEK, A. G.; KJAER, E. D.; TRABUCCO, A.; HANSEN, J. K.; MAES, W. H.; GRADUAL, L.; AKINNIFESI, F. K.; MUYS, B. Towards domestication of *Jatropha curcas*. **Journal Biofuels**, Decatur, v. 1, n. 1, p. 91-107, 2010.
- ALMEIDA, C. L. P. de. **Índices multivariados e blup multisafras na seleção de genótipos de goiabeira**. 2017. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2017.
- ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; FORMIGHIERI, E. F.; CARELS, N. Perennial plants for biofuel production: bridging genomics and field research. **Biotechnology Journal**, Weinheim, v. 10, n. 4, p. 505-507, 2015. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/biot.201400201>. Acesso em: 10 maio 2020.
- AMINUL ISLAM, A. K. M.; ANUAR, N.; YAAKOB, Z.; GHANI, J. A.; OSMAN, M. Diallel analysis for seed yield and related traits in an energy crop *Jatropha curcas*. **Sains Malaysiana**, v. 44, n. 7, p. 979-986, 2015.
- ATROCH, A. L.; NASCIMENTO FILHO, F.; RESENDE, M. D. V. Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal. **Revista de Ciências Agrárias**, Manaus, v. 56, n. 4, p. 347-352, out./dez. 2013. Disponível em: [file:///C:/Users/Joyce/Downloads/901-Texto%20do%20artigo-5583-1-10-20131205%20\(2\).pdf](file:///C:/Users/Joyce/Downloads/901-Texto%20do%20artigo-5583-1-10-20131205%20(2).pdf). Acesso em: 22 maio 2020.
- BELEWU, M. A.; OGUNSOLA, F. O. Haematological and serum indices of goat fed fungi treated *Jatropha curcas* kernel cake in a mixedration. **Journal of Agricultural Biotechnology and Sustainable Development**, Lagos, v. 2, n. 3, p. 35-38, Mar. 2010.
- 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, Jan. 2013. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669012002166>. Acesso em: 22 abr. 2020.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. 2010. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/pdf/asagr/v32n4/a11v32n4.pdf>. Acesso em: 10 abr. 2020.
- BRASIL. Ministério da Agricultura. **Regras para análises de sementes**. Brasília, DF: Mapa/ACS, 2009.
- BRITTAINE, R.; LUTALADIO, N. **Jatropha**: a smallholder bioenergy crop: the potential for pro-poor development. Rome: FAO, 2010. p. 1-12. Integrated Crop Management, v. 8.
- CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 2012.

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: Ed. UFV, 2007.

DIVAKARA, B. N.; UPADHYAYA, H. D.; WANI, S. P.; GOWDA, C. L. L. Biology and genetic improvement of *Jatropha curcas*L.: a review. **Applied Energy**, London, v. 87, n. 3, p. 732-742, 2010. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/222705613_Biology_and_genetic_improvement_of_Jatropha_curcas_L_A_review. Acesso em: 20 maio 2020.

DUARTE, A. B.; GOMES, W. S.; NIETSCH, S.; PEREIRA, M. C. T.; RODRIGUES, B. R. A.; FERREIRA, L. B.; PAIXÃO, P. M. T. Genetic diversity between and within full-sib families of *Jatropha* using ISSR markers. **Industrial Crops and Products**, v. 124, n. 15, p. 899-905, 2018. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669018307659>. Acesso em: 22 abr. 2020.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 1987.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: Ed. UFV, 2010.

FRANCIS, G., JOHN, O., PIERGIORGIO, S. et al. Apomixis as a tool for development of high yielding clones and selections in *Jatropha curcas*L. **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 67, p. 727-743, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00851-0>. Acesso em: 25 maio 2020.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JUNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0006-87051999000200005&lng=pt&nhttps://doi.org/10.1590/S0006-87051999000200005. Acesso em: 20 maio 2020.

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

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H. O.; RESENDE, M. D. V. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão-manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 61, p. 25-35, jan./abr. 2010. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/24185/1/PFB31-3.pdf>. Acesso em: 10 abr. 2020.

JUHÁSZ, A. C. P.; PIMENTA, S.; SOARES, B. O.; MORAES, D. L. B.; RABELLO, H. O. Biologia floral e polinização artificial de pinhão manso no Norte de Minas Gerais, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 9, p. 1073-1077, set. 2009. Disponível em:

https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2009000900001&script=sci_arttext&tlng=pt. Acesso em: 10 abr. 2020.

KUMAR, A.; SHARMA, S. An evaluation of multipurpose oil seed crop for industrial uses (*Jatropha curcas*): a review. **Industrial Crops and Products**, v. 28, n. 1, p. 1-10, 2008. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669008000046>. Acesso em: 22 abr. 2020.

KUMAR, V.; MAKKAR, H. P. S.; BECKER, K. Dietary inclusion of detoxified *Jatropha curcas* kernel meal: effects on growth performance and metabolic efficiency in common carp, *Cyprinus carpio* L. **Fish Physiology and Biochemistry**, 2010. Disponível em: <http://www.springerlink.com/content/d3g8710233x51811/fulltext.pdf>. Acesso em: 24 mar. 2020.

LAVIOLA, B. G.; ALVES, A. A.; GURGEL, F. L.; ROSADO, T. B.; COSTA, R. D.; ROCHA, R. B. Estimate of genetic parameters and predicted gains with early selection of physic nut families. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 163-170, Mar./Apr. 2012.

LAVIOLA, B. G.; OLIVEIRA, A. M. C.; BHERING, L. L.; ALVES, A. A.; ROCHA, R. B.; GOMES, B. E. L.; CRUZ, C. D. Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing the degree of certainty in predicting the best families. **Industrial Crops and Products**, v. 51, p. 70-76, Nov. 2013b.

LAVIOLA, B. G.; ROCHA R. B.; KOBAYASHI, A. K.; ROSADO, T. B.; BHERING, L. L. Genetic improvement of *Jatropha* for biodiesel production. **Ceiba**, v. 51, n. 1, p. 1-10, May. 2012. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/265201624_Genetic_Improvement_of_Jatropha_for_Biodiesel_Production. Acesso em: 10 jan. 2020.

LAVIOLA, B. G.; SILVA, S. D. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; ROCHA, R. B.; OLIVEIRA, R. J. P. de; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agrônômico e ganho genético pela seleção de pinhão-mansão em três regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 5, p. 356-363, maio 2014. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2014000500356. Acesso em: 10 jan. 2020.

MENDONÇA, S.; LAVIOLA, B. G. **Uso potencial e toxidez da torta de pinhão manso**. Brasília, DF: Embrapa Agroenergia, 2009. Comunicado Técnico, 1.

NASS, L.; PEREIRA, A.; ELLIS, D. Biofuels in Brazil: an overview. **Crop Science**, v. 47, n. 6, p. 2228-2237, Nov. 2007. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/43263498_Biofuels_in_Brazil_An_Overview. Acesso em: 10 jan. 2020.

NIETSCHKE, S.; VENDRAME, W. A.; CRANE, J. H.; PEREIRA, M. C. T. Assessment of reproductive characteristics of *Jatropha curcas* L. in South Florida. **GCB Bioenergy**, v. 6, p. 351-359, 2014. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/gcbb.12051>. Acesso em: 22 abr. 2020.

- 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**, Berlin, v. 22, n. 5, p. 697-709, 2008. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/225735003_Genetic_associations_variability_and_diversity_in_seed_characters_growth_reproductive_phenology_and_yield_in_Jatropha_curcas_L_accessions. Acesso em: 28 jan. 2020.
- REIS, M. V. M.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; CAMPOS, T. O.; DIEGUES, I. P.; FREITAS, S. C. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 412-420, abr./jun. 2015. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902015000200412&lng=en&nrm=iso. Acesso em: 30 mar. 2020.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.
- ROCHA, M. A. M. **Instruções técnicas para a cultura do pinhão manso**. Vitória, ES: Incaper, 2011.
- SILVA, L. E. **Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula**. 2015. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2015.
- SINGH, S.; PRAKASH, A.; CHAKRABORTY, N. R.; WHEELER, C.; WHEELER, P. K.; GHOSH, A. Trait selection by path and principal component analysis in *Jatropha curcas* for enhanced oil yield. **Industrial Crops and Products**, v. 86, p. 173-179, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669016301935>. Acesso em: 22 abr. 2020.
- SPINELLI, V. M.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, v. 69, p. 355-361, July 2015.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1. p. 137-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fito-melhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- ZAMBRANO, F.; DELGADO, K.; SILVA, H.; NOMURA, R. B.; ANDRADE, D. S.; ZUCARELI, C. Extração e avaliação do óleo de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) oriundo das cercas vivas de Manabí Equador. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, Curitiba, v. 4, n. 1, p. 55-70, 2015. Disponível em: https://revistas.ufpr.br/rber/article/view/37755/pdf_43. Acesso em: 20 maio 2020.

5 CONCLUSÃO GERAL

A proposta deste trabalho é pioneira no estudo das estimativas, de parâmetros genéticos e ganhos com seleção em progênies de irmãos completos em *J. curcas* L. no mundo. Os resultados obtidos permitiram a identificação e inferir sobre os parâmetros genéticos nas características vegetativas, reprodutivas e produtivas. Todavia, foi constatado uma baixa contribuição da variância genética entre as progênies e, conseqüentemente, uma importante contribuição da variância ambiental, levando em consideração a fase juvenil que se encontram as progênies, que ainda não atingiram a estabilização das suas produções.

As características que tiveram os maiores ganhos genéticos permitiu a identificar clones potenciais, melhores genitores a nível individual e de famílias para uso em futuras seleções ou cruzamentos.

As características: vegetativa, diâmetro médio de ramos primários (DRP); reprodutiva número de inflorescências (NIF) e produtiva, torta de cem sementes (TCS) contribuíram na seleção de potenciais clones e genitores nesta primeira fase do estudo.

A seleção individual de progênies com potencial para serem genitores ou para novos clones indicou no geral, as progênies pertencentes às famílias C, D e F. A progênie F09 foi melhor indivíduo para ser explorado como genitor e para propagação vegetativa (clones).

Este trabalho possui um valioso conhecimento científico que contribuirá imensamente para os programas de melhoramento genético e no desenvolvimento do cultivo comercial da espécie.