

III - Artigo Científico

Desempenho morfoagronômico de uma família F₂ de mamoneira

Ilneide Braz Santos de Jesus¹, Simone Alves Silva¹, Ciro Ribeiro Filadelfo¹, Gean Carlo Soares Capinan² e Francielly Carvalho de Oliveira¹

Resumo

Objetivou-se analisar o desempenho de uma família F₂ de *Ricinus communis* L. quanto aos caracteres morfoagronômicos de maior importância da cultura e estabelecer estratégias de melhor condução das próximas gerações para desenvolvimento de novas cultivares de mamona. O experimento foi conduzido no Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), utilizando o delineamento experimental de blocos aumentados. Avaliou-se 12 caracteres morfoagronômicos. Foram realizadas análises descritivas de variância e correlações entre os caracteres. Os resultados indicaram variabilidade genética na população F₂ e correlação entre alguns caracteres, possibilitando seleções indiretas. O teor de óleo não apresentou correlação significativa com os caracteres estudados, sendo necessário uma seleção direta em gerações avançadas para o caráter com controle rigoroso do ambiente. É importante enfatizar a presença da correlação negativa entre florescimento e produtividade, sendo indicativo de seleção indireta para produtividade quando selecionar genótipos com florescimento precoce.

Palavras-Chave: *variabilidade; melhoramento genético; correlação; caráter poligênico; seleção.*

Abstract

(Morphoagronomic Performance of an F₂ family of Castor Bean) The objective was to analyze the performance of an F₂ family of *Ricinus communis* L., regarding the most important morpho-agronomic traits of the crop, and to establish strategies for better management of the next generations to develop new castor bean cultivars. The experiment was conducted at the Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) of the Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), using an augmented block experimental design. Twelve morpho-agronomic traits were evaluated. Descriptive analyses of variance and correlations between the traits were performed. The results indicated genetic variability in the F₂ population and correlation between some traits, enabling indirect selections. The oil content showed no significant correlation with the studied traits, requiring direct selection in advanced generations for the trait with strict environmental control. It is important to emphasize the presence of a negative correlation between flowering and productivity, indicating indirect selection for productivity when selecting genotypes with early flowering.

Keywords: *variability; genetical enhancement; correlation; polygenic character; selection*

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, s/no, nº, 44380-000, Cruz das Almas, BA, Brasil. E-mail: ilneidebraz@hotmail.com, sas@ufrb.edu.br, ciro@ufrb.edu.br, francielly-carvalho@outlook.com

² Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano (IFBAIANO), Campus Itapetinga, s/n, km 02, Clerolandia, 45700-000, Itapetinga, BA. E-mail: geancapinan@yahoo.com.br

Introdução

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma espécie oleaginosa, pertencente à família Euphorbiaceae e apresenta grande importância socioeconômica, sendo seu principal produto, o óleo extraído de suas sementes, que possui excelentes propriedades, como: estabilidade a variações de temperatura e oxidativa, alta viscosidade, ser o único solúvel em álcool. Tais atributos resultam de seu elevado percentual de ácido ricinoleico em sua composição (90%) e possibilitam vasta aplicação industrial, farmacêutica e agrícola (MUBOFU, 2016). Além disso, é uma cultura de fácil propagação e possui boa adaptabilidade às diferentes condições climáticas (FERREIRA e MELO, 2019). Entre os principais países produtores destacam-se a Índia, Moçambique, Brasil e China (FAO, 2020).

No Brasil, esta espécie é encontrada em todo território nacional, mas sua produção está concentrada no semiárido nordestino, sendo o estado da Bahia o maior representante da cultura, com a produção de 33.353 t. (IBGE, 2023), correspondendo a 100% da produção nacional. No entanto, o sistema de produção e cultivo utilizado na Bahia ainda é pouco expressivo, comprometendo a produção, que em 2022 correspondeu a 38.920 t (IBGE, 2023).

De acordo com Ferreira e Melo (2019), o principal motivo para a baixa produtividade da cultura é a falta de utilização de material tecnológico de qualidade, o emprego de cultivares pouco produtivas e adaptadas à região de cultivo. Neste contexto, programas de melhoramento podem auxiliar no desenvolvimento de cultivares mais produtivas, precoces, de fácil adaptabilidade, baixa estatura, alto teor de óleo, resistentes às pragas e doenças (SILVA et al., 2017). Estas características podem ser obtidas e transferidas por meio de programas de melhoramento que envolvam hibridações para obtenção de novas constituições genéticas, envolvendo preferencialmente genótipos que sejam divergentes e que possibilitem seleções aplicadas aos caracteres de interesse (PASSOS et al., 2010). Neste sentido, a caracterização e o conhecimento sobre o desempenho morfoagronômico fazem-se necessários em programas de melhoramento vegetal, principalmente quando se trata de gerações iniciais, uma vez que permitem aos melhoristas o conhecimento sobre a base genética da população, identificar as melhores constituições genética para seleção, como também direcionar o processo de condução das próximas gerações (PASSOS et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2013).

O Programa de Melhoramento Genético da Mamona, desenvolvido pelo Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), tem contribuído com importantes avanços na tecnologia de produção da mamoneira. Este programa tem como principal objetivo o

desenvolvimento de genótipos superiores para o estado da Bahia, principalmente para regiões semiáridas, Recôncavo e litorânea. As pesquisas iniciaram-se em 2005 e desde então vem desenvolvendo o programa de melhoramento por meio de hibridações, autofecundações e seleção de constituições genéticas com elevado potencial produtivo e tecnológico.

Assim, este estudo teve como objetivo analisar o desempenho de uma família F₂ de mamoneira quanto aos caracteres morfoagronômicos de maior importância da cultura e estabelecer estratégias de melhor condução das próximas gerações para desenvolvimento de novas cultivares.

Material e Métodos

Os dados foram coletados da população F₂ (geração segregante) de *R. communis* L. oriunda da autofecundação da geração F₁, resultante do cruzamento de duas linhagens parentais homozigotas (UFRB160 x UFRB176) desenvolvidas no NBIO.

Esta população foi instalada na área experimental do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (CCAAB/UFRB), localizada no município de Cruz das Almas, Bahia, situado no Recôncavo Baiano entre as coordenadas geográficas 12°40'19" latitude sul, 39°06'23" de longitude oeste de Greenwich e em altitude média de 220 m (SILVA, 2016). A área foi devidamente preparada com realização de aração e gradagem; com base na análise de solo, foi feita a correção da acidez aplicando 1.200 kg de calcário ha⁻¹. Posteriormente, procedeu-se com a adubação na cova de plantio com a dosagem de 20 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de P e 40 kg ha⁻¹ de K.

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

O experimento foi implantado em maio de 2018, seguindo o esquema de famílias intercaladas com testemunhas. Este tipo de sistema é uma derivação do delineamento de blocos aumentados proposto por Federer (1956), no qual as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns (P₁ e P₂) e as famílias, aos tratamentos regulares (F₂).

Desta forma, o esquema experimental pode ser assim descrito: a 1ª linha, constituída por 10 plantas, foi composta pela testemunha (1ª repetição do P₁); nas 2ª, 3ª e 4ª linhas foram semeadas as progênes (F₂) e a 5ª linha foi ocupada pela testemunha (1ª repetição do P₂); e assim sucessivamente, estando distribuídas em quatro blocos. As linhas foram constituídas de uma fileira de 8,8 m, com 12 plantas espaçadas em 0,80 cm, sendo as extremidades consideradas bordaduras. Foram avaliadas 40 plantas para

cada um dos parentais (P1 e P2) e 75 plantas para a população F₂.

Foram avaliados 12 caracteres (Tabela 1), sendo alguns propostos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA (BRASIL, 2008) e outros sugeridos pelo NBIO em 2014 (SILVA et al., 2020): Florescimento da planta (FLO) - Subtraindo a data de florescimento pela data de germinação (dias); Inserção do racemo primário (IRP) - Medição realizada com uma trena do solo até o ponto de inserção do primeiro racemo (cm); Diâmetro do caule (DC) - Medido na parte inferior do caule, utilizando paquímetro digital (cm); Número de Internódios do Caule (NIC) - Contagem da quantidade de cicatrizes presentes no caule e Estatura da planta (EP) - A distância (m) entre a superfície do solo e a extremidade apical da última folha (BRASIL, 2008). Os sugeridos pelo NBIO foram: Comprimento do racemo (CR) - Média do comprimento dos três primeiros racemos (cm); Número de frutos por racemo (NFR) - Média do número de frutos dos três primeiros racemos; Peso dos frutos por racemo (PFR) - Média do peso dos frutos dos três primeiros racemos (g); Número de semente por racemo (NSR) - Média da contagem do número de sementes dos três primeiros racemos; Peso de Semente por racemo (PSR) - Média do peso das sementes dos três primeiros racemos (g); Produtividade (PROD) - Calculada a estimativa em kg.ha⁻¹ por planta e teor de óleo das sementes (TOS) - Expresso em porcentagem, com o uso de técnica de Ressonância Magnética Nuclear.

Foram realizadas análise descritiva e análise de variância dos dados e os valores médios foram agrupados segundo o teste de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade. Em sequência, foram observadas as estimativas da correlação de Spearman entre os caracteres, avaliados pelo teste t de *Student* ao nível de 1 e 5% de probabilidade.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software R (R Development Core Team, 2020). Para as análises de variância foi utilizado a função (ea1) do pacote *easynova* (ARNHOLD, 2019). Também foram utilizados o pacote *agricolae* (MENDIBURU, 2019) para as análises de correlação.

Resultados e Discussão

Os resultados obtidos pela análise de variância (ANOVA) dos caracteres morfoagronômicos avaliados dos parentais e da família F₂ estão discriminados na tabela 1. Foram verificados efeitos significativos ($p < 0,05$) para a maioria dos caracteres, indicando a existência de variabilidade na população. Os coeficientes de variação experimental (CV%) apresentaram estimativas entre os valores de 6,27% (TOS) a 39,28% (PRO).

De acordo com Pimentel-Gomes (2009), os coeficientes de variação que apresentam valores abaixo de 10% ($CV \leq 10$), indicam alta precisão. De 10 a 20% ($10 \leq CV \leq 20$) é considerado de média precisão e valores

acima de 20% ($CV > 30$) são considerados elevados, indicando baixa precisão experimental. No entanto, essa classificação não leva em consideração a cultura estudada, as variáveis que estão sendo analisadas, tamanho de parcelas, heterogeneidade do solo e do material analisado, dentre outros fatores (FERREIRA et al., 2016).

Desta forma, o CV elevado apresentado na população em estudo pode ser justificado por sua característica de população segregante, que de acordo com Gregory (1967), pode ocorrer quando mais de um gene controla um caráter quantitativo (herança poligênica), tal como o peso de sementes e produtividade, o que acarreta a formação de um maior número de classes na geração F₂ por haver maior frequência de recombinação.

Valores de coeficiente de variação elevados para os mesmos caracteres relatados no presente estudo foram obtidos por Oliveira et al. (2013) que afirmam ser de suma importância por indicarem variabilidade genética na população, o que garante elevado escopo para o melhoramento por meio da seleção.

As médias das características morfoagronômicas dos 75 genótipos de mamoneira de acordo com o teste de Scott-Knott encontram-se na Tabela 2, os quais foram formados entre dois e quatro grupos. As médias referentes aos dias de florescimento (FLO) foram distribuídas em dois grupos distintos, com valores variando aproximadamente de 51 a 97 dias, com média de 79 dias (Tabela 1). Destaque para os genótipos UFRB 606 e UFRB 607 que apresentaram precocidade quanto ao caráter florescimento, obtendo valores aproximadamente de 51 e 62 dias, respectivamente. A UFRB 348, com florescimento de 97 dias, apresenta-se como o genótipo mais tardio (Tabela 2). Resultados semelhantes foram encontrados por Santos (2013) utilizando diferentes genótipos.

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

De acordo com Pivetta et al. (2015), estes caracteres estão relacionados entre si e também com a precocidade da planta, uma vez que a inserção do racemo primário inicia a fase reprodutiva da planta, surgindo após o crescimento do caule primário e da emissão de novas folhas e internódios.

Para o caráter estatura de planta, os genótipos foram reunidos em apenas um grupo variando de 0,38 m (UFRB 175) a 1,76 m (UFRB 625), com média de 1,13 m. Assim, podemos considerar que a maioria dos genótipos avaliados na população possuem estatura baixa (1,51 a 2 m), conforme a classificação do MAPA (BRASIL, 2008).

Tabela 1. Resumo da análise de variância para caracteres morfoagronômicos e coeficiente de variação experimental da família F₂ de mamoneira. UFRB/CCAAB/NBIO, Cruz das Almas – BA. 2018.

FV	GL	Quadrado Médio											
		FLO	IRP	DC	NIC	EP	CR	PFR	NFR	NSR	PSR	PRO	TOS
BLO	3	170,09	746,88	68,11	4,69	0,08	40,67	358,20	125,95	41070,55	1854,57	143349,9	10,79
TRAT	76	115,61**	201,13 ^{ns}	12,57 ^{ns}	2,34**	0,06 ^{ns}	24,03**	1086,88* *	283,12**	1905,35**	357,14**	164789,4**	12,53*
RES	68	60,01	138,56	12	0,94	0,05	7,51	480,52	83	813,66	133,8	95299,3	7,97
CVe(%)	-	9,88	15,4	16,2	6,19	19,6	15,2	28,4	24,13	34,92	27,25	39,28	6,27
MG	-	78,84	72,75	20,64	15,50	1,12	19,06	74,86	40,26	85,36	41,35	760,06	46,14
Min.	-	51,00	36,00	12,78	12,00	0,45	10,00	23,51	16,00	13,75	11,11	163,45	39,81
Máx.	-	97,00	113,00	29,18	18,00	1,75	36,00	169,44	86,00	39,81	105,47	2328,65	58,90

FLO - Número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário; IRP - Inserção do racemo primário (cm); DC - Diâmetro do caule (cm); NIC - Número de internódios do caule; EP - Estatura de planta; CR - Comprimento do racemo (cm); PFR - Peso do fruto por racemo (g); NFR - Números de frutos por racemo; NSR - Número de sementes por racemo; PSR - Peso de sementes por racemo (g); PRO - Produtividade; TOS - Porcentagem teor de óleo na semente; FV - Fonte de variação; GL - Grau de Liberdade; BLO - Blocos; TRAT - Tratamentos; RES - Resíduo; CVe - Coeficiente de variação experimental; MG - Média geral; Min - mínimos; Máx - máximos; NS - Não significativo; * Significativo ao nível de 5%; ** Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

O porte reduzido é uma característica requerida no melhoramento da mamoneira, uma vez que favorece a colheita mecanizada e evita o acamamento (ALVES et al., 2015). Além do mais, plantas que apresentam portes muito elevados dificultam a realização de tratamentos culturais e facilitam a criação de microclima favorável à doenças e pragas (ZUCHI et al., 2010).

Para o caráter diâmetro de caule (DC), as médias foram distribuídas em dois grupos com valor médio de 20,64 cm. A avaliação do diâmetro de caule em mamoneira é importante porque preconiza que as plantas com valores de altura mais baixos têm diâmetros de caule mais grossos e causam problemas na colheita mecânica. O genótipo UFRB 348 foi o que apresentou menor média para o caráter (13,01 cm), enquanto o UFRB 716 apresentou a maior (28,72 cm).

Em relação aos caracteres relacionados à produtividade de grãos (CR, PFR, NFR, NSR, PSR) foram observadas bastantes variações, como pode ser observado pelo agrupamento dos genótipos na tabela 2. Isto ocorre devido à natureza quantitativa destes caracteres, ou seja, são controlados por vários genes. Por conta disso, são bastante influenciados pelo ambiente apresentando variações contínuas dentro da população, com maior intensidade em caracteres de final de ciclo (BALDISSERA et al., 2014).

O genótipo UFRB 161 apresentou a maior média para o caráter PRO (2234,63 kg.ha⁻¹), enquanto o genótipo UFRB 175 apresentou a menor média.

Para o caráter TOS os genótipos foram reunidos em um único grupo, obtendo média de 46,14%, variando de 39,81 a 58,90%. O genótipo UFRB 616 (59,14%) apresentou-se como mais promissor por apresentar maior média para o TOS. Resultado superior ao encontrado por Rukhsar et al. (2018) que observaram variações no teor de óleo de 46,75 a 51,71%.

Os valores das correlações fenotípicas entre os 12 caracteres analisados encontram-se na Tabela 3, as quais apresentaram valores entre -0,54 e 0,67.

Os maiores valores de correlação significativa positiva foram observados entre número de frutos por racemo x peso de fruto por racemo ($r_p=0,67$). Por outro lado, as menores correlações significativas positivas observadas foram entre DC x NSR; NIC x EP ($r_p = 0,23$).

A maior correlação negativa significativa foi observada entre os caracteres florescimento e diâmetro do caule ($r_p = -0,54$). Além disso, o caráter florescimento (FLO) apresentou correlações negativas e significativas pelo teste t ($p<0,01$), com os caracteres IRP, PSR e PRO e significativas ($p<0,05$) com a variável NIC.

De acordo com Santos et al. (2019), quando um caráter se correlaciona positivamente com alguns e negativamente com outros, é necessário que se tenha um cuidado adicional, pois a seleção de um determinado caráter pode provocar mudanças indesejáveis em outros.

No entanto, a correlação negativa entre FLO e PRO ($r_p = -0,41$), indica a possibilidade de obtenção de genótipos produtivos e mais precoces na seleção, uma vez que a redução dos dias para florescimento possibilita incremento da produtividade (OLIVEIRA et al., 2013).

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

Para a produtividade (PRO), verificou-se que com exceção de comprimento do racemo (CR) e teor de óleo (TOS), apresentou-se altamente correlacionada com os demais caracteres DC, EP, IRP, NIC, PFR, NFR, NSR, PSR.

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

No presente trabalho, o caráter TOS não apresentou correlação significativa com nenhum dos caracteres estudados. Resultados semelhantes foram encontrados por Goodarzi et al. (2015). Por outro lado, Nagarajan et al. (2019) e Dai et al. (2019) encontraram correlação entre o TOS e P100, diferindo do presente estudo.

Assim, o caráter florescimento foi o único que apresentou correlação negativa com todos os demais caracteres, exceto com o TOS (Tabela 3). Resultados promissores para a continuidade nos trabalhos do programa de melhoramento genético por seleção indireta.

Conclusões

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

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

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

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

Tabela 2. Médias dos caracteres morfoagronômicos obtidas dos 75 genótipos de mamoneira da população F₂, pelo teste de Scott-Knott. UFRB/CCAAB/NBIO, Cruz das Almas, Bahia, 2018-2019.

FLO	GENÓTIPOS (UFRB)
a (97,29 - 78,11 dias)	162 167 168 170 171 178 179 180 181 183 184 187 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 611 612 613 615 616 621 622 623 702 704 708
b (77,16 - 50,44 dias)	161 164 172 173 174 175 177 182 185 186 190 605 606 607 610 618 625 629 630 701 703 705 706 710 713 715 716 718 719 720 723 726
IRP	GENÓTIPOS (UFRB)
a (110,54 - 38,43)	161 162 164 167 168 170 171 172 173 174 175 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 708 710 713 715 716 718 719 720 723 726
DC	GENÓTIPOS (UFRB)
a (28,72 - 20,40 cm)	161 164 168 171 172 173 174 175 177 178 182 185 186 332 346 347 350 352 355 357 359 621 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 710 713 715 716 718 719 720 723 726
b (20,26 - 13,01 cm)	162 167 170 179 180 181 183 184 187 190 335 342 344 348 349 351 353 354 358 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 622 708
NIC	GENÓTIPOS (UFRB)
a (18,32 - 17,01)	178 602 604 612 621 625 701 702 703 704 706 708 713 715 716 719 720 723 726
b (16,39 - 15,01)	161 164 170 171 172 173 174 175 177 181 182 184 185 186 335 344 346 347 350 352 354 357 358 359 605 606 610 613 616 622 623 705 710 718
c (14,39 - 13,01)	162 167 168 179 180 183 187 190 601 607 611 615 618 629 630
d (12,78 - 11,28)	332 342 348 349 351 353 355
EP	GENÓTIPOS (UFRB)
a (1,76 - 0,38 m)	161 162 164 167 168 170 171 172 173 174 175 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 708 710 713 715 716 718 719 720 723 726
CR	GENÓTIPOS (UFRB)
a (36,67)	612 616
b (29,25 - 22,17)	161 170 177 180 183 335 629 704 705 708 715 719
c (21,61 - 17,72)	168 172 173 174 179 181 182 185 190 332 342 344 348 349 352 354 355 358 359 601 602 604 618 622 623 625 701 702 703 706 710 718
d (17,25 - 11,61)	162 164 167 171 175 178 184 186 187 346 347 350 351 353 357 605 606 607 610 611 613 615 621 630 713 716 720 723 726
PFR	GENÓTIPOS (UFRB)
a (166,16 - 135,86 g)	161 170 180 612 616 704
b (124,33 - 94,04 g)	335 352 613 630 702 703 705 706 708 710 715 719
c (89,55 - 24,41 g)	162 164 167 168 171 172 173 174 175 177 178 179 181 182 183 184 185 186 187 190 332 342 344 346 347 348 349 350 351 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 615 618 621 622 623 625 629 701 713 716 718 720 723 726
NFR	GENÓTIPOS (UFRB)
a (82,84 - 54,17)	161 180 182 335 346 602 604 618 629 702 704 708 715 719
b (52,51 - 42,41)	164 170 172 185 332 347 350 352 354 357 359 605 606 607 612 615 616 622 630 716 173 174 179 181 183 184 186 187 190 344 358 613 623 703 705 706 710 713 718 723 726
d (28,57 - 13,51)	162 167 168 171 175 177 178 342 348 349 351 353 355 601 610 611 621 625 701 720

(Continuação)

NSR	GENÓTIPOS (UFRB)
a (192,89 - 151,47)	161 346 622 702 704 708 715 719
b (140,47 - 109,77)	172 182 185 347 350 357 605 607 618 716
c (101,89 - 10,47)	162 164 167 168 170 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 186 187 190 332 335 342 344 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 606 610 611 612 613 615 616 621 623 625 629 630 701 703 705 706 710 713 718 720 723 726
PSR	GENÓTIPOS (UFRB)
a (97,91 - 78,56 g)	161 170 180 612 616 708
b (70,64 - 52,46 g)	346 355 613 625 701 702 703 706 710
c (49,86 - 32,16 g)	164 168 172 173 178 182 183 185 186 190 332 335 342 344 347 349 350 352 354 357 358 359 605 606 607 610 615 618 622 623 629 704 715 716 718 719 723
d (30,26 - 9,80 g)	162 167 171 174 175 177 179 181 184 187 348 351 353 601 602 604 611 621 630 705 713 720 726
PRO	GENÓTIPOS (UFRB)
a (2234,63 - 1372,01)	161 170 346 702 703 706 710 716
b (1159,98 - 908,56)	164 172 182 186 347 350 357 605 606 607 613 615 618 630
c (876,23 - 69,43)	162 167 168 171 173 174 175 177 178 179 180 181 183 184 185 187 190 332 335 342 344 348 349 351 352 353 354 355 358 359 601 602 604 610 611 612 616 621 622 623 625 629 701 704 705 708 713 715 718 719 720 723 726
TOS	GENÓTIPOS (UFRB)
a (59,14 - 39,34 %)	161 162 164 167 168 170 171 172 173 174 175 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 190 332 335 342 344 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 357 358 359 601 602 604 605 606 607 610 611 612 613 615 616 618 621 622 623 625 629 630 701 702 703 704 705 706 708 710 713 715 716 718 719 720 723 726

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

Tabela 3. Correlações fenotípicas entre 12 variáveis avaliadas em uma família F₂ de mamoneira no Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia.

VARIÁVEIS	IRP	DC	NIC	EP	CR	PFR	NFR	NSR	PSR	PRO	TOS
FLO	-0,44**	-0,54**	-0,25*	-0,12 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,36**	-0,41**	0,11 ^{ns}
IRP		0,65**	0,43**	0,48**	0,16 ^{ns}	0,35**	0,21 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,26*	0,51**	-0,07 ^{ns}
DC			0,50**	0,21 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,23*	0,23 ^{ns}	0,37**	0,08 ^{ns}
NIC				0,23*	0,10 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,27*	0,26*	0,23 ^{ns}	0,28*	0,05 ^{ns}
EP					0,12 ^{ns}	0,28*	0,13 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,44**	0,49**	-0,21 ^{ns}
CR						0,61**	0,41**	0,16 ^{ns}	0,46**	0,06 ^{ns}	0,13 ^{ns}
PFR							0,67**	0,41**	0,62**	0,52**	0,07 ^{ns}
NFR								0,62**	0,48**	0,52**	0,16 ^{ns}
NSR									0,56**	0,58**	0,22 ^{ns}
PSR										0,60**	0,01 ^{ns}
PRO											-0,03 ^{ns}

FLO - Número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina do racemo primário; IRP - Inserção do racemo primário; DC - Diâmetro do caule; NIC - Número de internódios do caule; EP - Estatura de planta; CR - Comprimento do racemo; PFR - Peso do fruto por racemo; NFR - Números de frutos por racemo; NSR - Número de sementes por racemo; PSR - Peso de sementes por racemo; PRO - Produtividade; TOS - Porcentagem teor de óleo na semente; NS - Não significativo; *Significativo ao nível de 5%; **Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste t de *Student*.

Agradecimentos

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

Referências

ALVES, G. S. et al. Densidade populacional e seu efeito na produtividade da mamoneira BRS Energia sob cultivo irrigado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, p. 546-554, 2015.

ARNHOLD, E. Package 'easynova'. cran.r-project.org, 2019. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/easynova/easynova.pdf>. Acesso em: 23 mar. 2023.

BALDISSERA, J. N. C. et al. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, p. 181-189, 2014.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de mamona (*Ricinus communis* L.). Brasília – DF: gov.br/agricultura/pt-br, 2008. Disponível em: https://www.gov.br/agricultura/ptbr/assuntos/insumos_agropecuarios/insumos-agricolas/protacao-de-cultivar/arquivos_agricolas/copy_of_MAMONA_FORMULRIO_06OUT2022.docx. Acesso em: 23 mar. 2023.

DAI, M. et al. Correlation analysis of oil content, fatty acid content and seed phenotypic traits of *Ricinus communis* L. seed. **Southwest China Journal of Agricultural Sciences**, v. 32, p. 55-62, 2019.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. Ithaca: ecommons.cornell.edu, 1956. Disponível em: <https://ecommons.cornell.edu/bitstream/handle/1813/32841/BU-74-M.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 17 nov. 2018.

FERREIRA, J. P. et al. Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. **Revista Ceres**, v. 63, p. 138-144, 2016.

FERREIRA, R. S.; MELO, A. S. Análise das fontes de crescimento do valor bruto da produção da mamona no período de 1990 a 2016. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, p. 487-513, 2019.

Food and Agriculture Organization of the United Nations-FAO. Castor Oil Seeds. United Nations www.fao.org, 2020. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/em/#data/QC>. Acesso em: 10 out. 2022.

GOODARZI, F. et al. Genetic variability and traits association in castor bean (*Ricinus communis* L.). **Genetika**, v. 47, p. 265-274, 2015.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. Rio de Janeiro: ibge.gov.br, 2023. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-%20levantamento-sistematico-da-producao-agricola.html?=&t=resultados>. Acesso em: 27 mar. 2023.

MENDIBURU, F. _agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.2-1. CRAN.R-project.org, 2019. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>. Acesso em: 23 mar. 2023.

MITTELMANN, A. et al. Herdabilidade para os caracteres ciclo vegetativo e estatura em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, p. 999-1002, 2001.

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

- NAGARAJAN, S. et al. Correlation and Path Coefficient Analysis in Castor (*Ricinus communis* L.), **International Journal of Pure and Applied Bioscience**, v. 7, p. 230-233, 2019.
- OLIVEIRA, R. S. **Avaliação de população segregante (F3) de mamoneira em condições do Recôncavo Baiano**. 2011. 40 f. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia.
- OLIVEIRA, R. S. et al. Genetic divergence on castor bean using the ward-mlm strategy. **Revista Ciências Agronômica**, v. 44, 2013.
- PASSOS, A. R. et al. Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 709-714, 2010.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: ESALQ, 2009. 451p.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM R. A language and environment for statistical computing. Vienna: R-project.org, 2020. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 02 abr. 2020.
- RUKHSAR, et al. Genetic variability, character association and genetic divergence studies in castor (*Ricinus communis* L.). **Annals of Agrarian Science**, v. 16, p. 143-148, 2018.
- SANTOS, L. A. **Caracterização e seleção de linhagens elites de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio do desempenho morfoagronômico e molecular no Estado da Bahia**. 2013. 85p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, Cruz das Almas, Bahia.
- SANTOS, L. A. et al. Genetic parameters in agronomic characters for selection of superior lineages of *Ricinus communis* L. **Ciência Rural**, v. 49, e. 20180547, 2019.
- SILVA, A. R. et al. Correlations and track analysis for morphoagronomic descriptors in pedigree and parental lines of castor bean. **Ciência Rural**, v. 47, 2017.
- SILVA, S. A. et al. Descritores para caracterização de mamoneira. In: SILVA, S. A. **Pesquisas em recursos genéticos vegetais na UFRB**. 1. ed. Cruz das Almas, BA: EDUFRB, 2020. pp. 73-105.
- SILVA, T.S.M.; FILHO, M.A.C.; COELHO, E.F. Boletim Meteorológico da Estação Convencional de Cruz das Almas, BA. Variabilidade e tendências climáticas; Documento 216; **Embrapa Mandioca e Fruticultura**: Brasília, Brazil, 2016, 7p.
- ZUCHI, J. et al. Caracterização agrônômica de cultivares de mamona em função do local de cultivo e da época de semeadura no Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v. 40, p. 501-506, 2010.