

## QUANTIFICAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS SUPERIORES DE GIRASSOL

Juliana Parisotto Poletine<sup>1</sup>; Rafael França Borázio<sup>1</sup>; Marco Antonio Aparecido Barelli<sup>2</sup>; José Junior Severino<sup>1</sup>; Julio Augusto<sup>1</sup> e Guilherme Cassimiro Moreira da Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Agronômicas, *Campus* Regional de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87501-970, Umuarama, PR, Brasil. <sup>2</sup> Universidade do Estado de Mato Grosso, Faculdade de Ciências Agro-Ambientais, Av. São João, s/nº, CEP 78200-000 Cáceres, MT  
E-mail: jppoletine@uem.br

*Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre 16 híbridos de girassol. O experimento foi conduzido na cidade de Umuarama, região Noroeste do estado do Paraná, Brasil, no ano agrícola 2014/2015. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados com quatro repetições. As seguintes características foram avaliadas: estande final, altura de plantas, curvatura do caule, tamanho do capítulo, produtividade de grãos, peso de 1000 aquênios e teor de óleo. Os dados obtidos a partir das avaliações das características morfológicas foram submetidos à análise de variância pelo teste F e as médias comparadas pelo agrupamento de Scott & Knott ao nível de 5% de probabilidade. A análise multivariada foi utilizada para avaliar a divergência genética entre genótipos por meio de variáveis canônicas e análises de agrupamento (UPGMA e Tocher), com base na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ). Pela análise de variância, constatou-se diferenças significativas, em nível de 1% de probabilidade, para as características rendimento de grãos, tamanho do capítulo e curvatura do capítulo. Já as características estande final e teor de óleo apresentaram significância a 5% de probabilidade, pelo teste F, demonstrando a existência de variabilidade entre os genótipos e sugerindo que os caracteres avaliados são importantes para a caracterização da divergência genética, com exceção das características peso de 1000 aquênios e altura de plantas, que não demonstraram diferença significativa. Com base na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ), foram estabelecidas as medidas de dissimilaridade genética, onde genótipos SULFOSOL e SYN 045 foram os mais dissimilares com  $D^2_{ii'}$  de 134,54 %, enquanto os híbridos HLA 05-62 e HLA 11-26 foram os mais similares apresentando  $D^2_{ii'}$  de 2,03%. O agrupamento pelo Método de Tocher, utilizando-se  $D^2_{ii'}$  como medida de dissimilaridade, dividiu os híbridos em dois grupos, com restrita divergência genética. As características rendimento de grãos e tamanho do capítulo contribuíram significativamente na divergência genética observada entre os híbridos e foi possível identificar materiais genéticos divergentes para a obtenção de linhagens e/ou formação de novas populações, nas condições edafoclimáticas da Região Noroeste do estado do Paraná.*

*Palavra - chave: Variabilidade genética, melhoramento de plantas, Helianthus annuus L.*

## QUANTIFICATION OF GENETIC DIVERGENCE AMONG SUNFLOWER SUPERIOR HYBRIDS

*Abstract: The objective of this work was to evaluate the genetic divergence among 16 sunflower hybrids. The experiment was developed in Umuarama County, North western of Parana State, Brazil, in 2014/2015 cropping season. The experimental design used was*

*randomized complete block with four replications. The following characteristics were evaluated: final stand, plant height, stem curvature, chapter size, grain yield, weight of 1000 achene's and oil content. Data from morphological characters were submitted to analysis of variance by using F test and means compared by Scott & Knott test (5%), considering genotypes effects as fixed. Multivariate analysis was used to evaluate the divergence among genotypes by canonic variable and cluster analysis (UPGMA and Tocher), based on Generalized Mahalanobis Distance ( $D^2_{ii}$ ). By analysis of variance, significant differences were detected at 1% probability level, for grain yield, chapter size and chapter curvature. For final stand and oil content characteristics it was observed significant difference at 5% probability level, by F test, demonstrating the existence of variability among genotypes and suggesting that evaluated characters are important for the characterization of genetic divergence, with exception for weight of 1000 achene's and plant height, that did not demonstrate significant difference. Based on Mahalanobis Generalized Distance of distance ( $D^2_{ii}$ ), it was established genetic dissimilarity measures, where SULFOSOL and SYN 045 genotypes were the most dissimilar with  $D^2_{ii}$  of 134,54 %, while HLA 05-62 and HLA 11-26 hybrids were the most similar showing  $D^2_{ii}$  of 2,03%. Clustering by Tocher method by using  $D^2_{ii}$  as a measure of dissimilarity, divided hybrids into two groups, with limited genetic divergence. Grain yield and chapter size characteristics contributed significantly in genetic divergence observed between the hybrids and it was possible unable to identify divergent genetic materials for obtaining lines and/or formation of new populations, at climatic and soil conditions in Parana State North western region.*

*Key Words: Genetic variability, plant breeding, Helianthus annuus L.*

## INTRODUÇÃO

O cultivo de girassol (*Helianthus annuus* L.) tem se caracterizado por ser uma opção de baixo custo em sistemas de rotação com outras culturas de grãos e tem despertado o interesse de produtores, profissionais da área agrícola e empresas, devido à possibilidade do uso de seu óleo como material prima para a produção de biodiesel (Castro e Farias, 2005; Backes et al., 2008).

Com o objetivo de assegurar a expansão da cultura, pesquisas em genética e melhoramento são conduzidas para a obtenção e avaliação de genótipos que contemplem aspectos importantes no sistema de produção (Messetti e Padovani, 2004). De acordo com Oliveira et al. (2005), esforços são necessários para o desenvolvimento de genótipos que apresentem, num mesmo genótipo, alto teor de óleo, ciclo precoce, redução na altura de plantas, resistência a fatores bióticos e abióticos, além de alta produtividade de grãos.

A obtenção destas características de interesse depende da existência da variabilidade genética disponível para os programas de melhoramento genético. A partir desta variabilidade, é possível programar o processo de seleção para a maioria das características de interesse, buscando o desenvolvimento de linhagens para a constituição de híbridos ou obtenção de variedades de polinização aberta (Amorim et al., 2007).

De acordo com Barelli (2004), estudos sobre divergência genética são de extrema importância em programas de melhoramento genético uma vez que relacionam os parâmetros para a identificação de progenitores que, quando hibridizados, oferecem efeitos heteróticos superiores nas progênes e alta probabilidade de recuperação de genótipos superiores em gerações segregantes, bem como facilitar o conhecimento da população genética base. Vários trabalhos que avaliam a divergência genética na cultura do girassol foram conduzidos com o uso de caracteres morfoagronômicos (Subrahmanyam et al., 2003; Messetti e Padovani, 2004; Amorim et al., 2007; Mohan e Seetharam, 2005; Arshad et al., 2007).

A avaliação da divergência genética é conduzida por meio de métodos baseados em características agronômicas, morfológicas e moleculares. No caso de variáveis quantitativas esta variabilidade pode ser visualizada pelo uso de medidas de dissimilaridade, destacando-se a Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii}$ ), que considera as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mencionadas (Cruz e Carneiro, 2003).

A visualização e interpretação das distâncias podem ser facilitadas pelo uso de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica. Métodos de agrupamento objetivam a separação de grupos de observações originais em diferentes subgrupos de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre subgrupos. Entre estes métodos, os de otimização e hierárquicos são utilizados em larga escala pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006).

A estimativa da divergência genética entre diferentes genótipos de girassol tem sido estudada, com o objetivo de selecionar progenitores para a composição de híbridos ou até mesmo a formação de novas populações segregantes, a partir do intercruzamento de genótipos divergentes com características agronômicas complementares (Amorim et al., 2007).

Dessa forma, o estudo objetivou caracterizar a variabilidade genética disponível em diferentes híbridos de girassol e identificar quais características morfoagronômicas contribuem significativamente para esta divergência.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no *Campus* Regional de Umuarama, município de Umuarama, região noroeste do estado do Paraná, com coordenadas geográficas: S23°47'20.4", W 53°15'25.2" e altitude de 396m. O clima é classificado como subtropical mesotérmico com temperatura média anual de aproximadamente 19°C. O solo da área experimental é classificado como Oxisolo Distrófico (Embrapa, 2013), com textura arenosa.

Dezesseis genótipos de girassol (híbridos) obtidos dos Ensaio Nacionais de Pesquisa de Girassol, pertencentes à Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa de Soja (Ensaio Final de Primeiro Ano) foram avaliados (Tabela 1), em um delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Cada genótipo foi semeado em uma parcela constituída por quatro linhas de 6 metros de comprimento, espaçadas em 0,70m. A distância entre plantas foi de 0,30m, totalizando 21 covas por linha. Cada cova continha três plantas e a densidade de semeadura variou entre 40.000 a 50.000 plantas por hectare. Seleção foi conduzida, sete dias após a emergência, deixando-se 21 plantas por linha.

Em adição à fertilização recomendada (40 a 60 kg de N; 40 a 80 kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e 40 a 80 kg por hectare de K<sub>2</sub>O), aplicou-se um fertilizante contendo Boro (B), na dose de 2 kg por hectare, em mistura com a adubação nitrogenada de cobertura, 25 dias após a emergência das plantas. Os controles de plantas daninhas, pragas e doenças foram desenvolvidos de acordo com a necessidade da cultura, por meio do uso de produtos químicos recomendados. A colheita de cada parcela experimental foi conduzida manualmente.

As duas linhas centrais foram colhidas (área útil), eliminado-se 0,50m de cada extremidade. Os capítulos foram cobertos com sacos de proteção TNT (tecido – não - tecido), para prevenir o ataque de pássaros.

Tabela 1. Genótipos de girassol avaliados no experimento, empresa obtentora e país de origem (Umuarama, PR/2014)

Genótipo	Empresa Obtentora	Origem
M 734 (T)	Dow Agrosience	Argentina
HELIO 358 (T)	HELIAGRO	Brasil
HN 5218	Nidera	Brasil
PARAÍSO 65	Nidera	Brasil
HLA 44-49	HELIAGRO	Brasil
HLA 05-62	HELIAGRO	Brasil
HLA 44-63	HELIAGRO	Brasil
HLA 11-26	HELIAGRO	Brasil
V 60415	Advanta	Argentina
V 70153	Advanta	Argentina
QC 6730	Quality Crops	Argentina
SULFOSOL	Quality Crops	Argentina
SYN 034 A	Syngenta	Brasil
SYN 039 A	Syngenta	Brasil
SYN 042	Syngenta	Brasil
SYN 045	Syngenta	Brasil

As seguintes características foram analisadas:

- Estande Final (STD): número de plantas na área útil da parcela, no momento da colheita;
- Altura de Plantas (AP): medida a partir da base do solo até a inserção do capítulo (cm), em cinco plantas competitivas na área útil da parcela;
- Curvatura do Capítulo (CC): avaliação visual, conduzida de acordo com a escala de classificação proposta por Knowles (1978);
- Tamanho do Capítulo (TC): obtida por meio da média de 20% das plantas competitivas na área útil da parcela, medida no estágio de maturação fisiológica;
- Produtividade de Grãos (PROD): produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), por meio da colheita manual dos grãos (capítulos) em cada parcela útil, com dados corrigidos para teor de umidade de aproximadamente 11%;
- Peso de 1000 aquênios (PMA): peso de aquênios, em gramas, obtido pela razão entre o peso total de grãos decada um dos cinco capítulos da área útil da parcela e o número total de grãos, posteriormente corrigido para 1000 grãos;
- Teor de óleo (OLEO %): determinado pelo método de ressonância magnética nuclear, através da curva de calibração do óleo de girassol, utilizando uma amostra de aproximadamente 7,0g de sementes por parcela. Essa avaliação foi realizada no Laboratório da Embrapa Centro Nacional de Pesquisa de Soja, em Londrina (PR).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância pelo teste F e médias comparadas pelo método de agrupamento de Scott e Knott (1974) ( $p < 0,05$ ). A análise multivariada foi utilizada para avaliar a divergência genética entre genótipos, empregando a Análise de Variáveis Canônicas e Agrupamento baseados na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ).

Na análise com as variáveis canônicas, avalia-se a similaridade dos progenitores por meio de um gráfico de dispersão, enquanto os métodos aglomerativos são dependentes de medidas de dissimilaridade obtidas pela Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ) (Cruz e Regazzi, 1994).

O agrupamento dos genótipos foi desenvolvido pelo uso do Método de Otimização proposto por Tocher, citado por Rao (1952), de acordo com Cruz e Carneiro (2003) e Oliveira et al. (1998), onde indivíduos pertencentes ao mesmo grupo são mais homogêneos que indivíduos de grupos diferentes, e o Método Hierárquico "UPGMA" com o agrupamento dos genótipos por meio de um processo que se repete por vários níveis até que seja estabelecido o

dendograma, onde demarcações podem ser estabelecidas pelo exame visual desta árvore, na qual ocorre a avaliação de pontos com alto nível de mudanças, tomados como os delimitadores do número de genótipos de forma a determinar um grupo (Cruz e Regazzi, 1994). Análises de variância e multivariadas foram conduzidas com auxílio do Programa Computacional “Genes” (Cruz, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância (Tabela 2) constatou-se que houve diferenças significativas, em nível de 1% de probabilidade, para as características PROD, TC e CC; as características STD e % ÓLEO apresentaram significância a 5% de probabilidade, pelo teste F, demonstrando a existência de variabilidade entre os genótipos e sugerindo que os caracteres avaliados são importantes para a caracterização da divergência genética, com exceção das características PMA e AP que não demonstraram diferença significativa. O coeficiente de variação oscilou de 5,67 a 19,70% revelando adequada precisão experimental próximos aos encontrados por Amorin et al. 2007 e Vogt et al., 2010.

A Tabela 3 apresenta os valores médios para as sete características avaliadas, com o agrupamento pelo teste de Scott e Knott (1974) a 5% de probabilidade. Para a característica PROD (rendimento de grãos por hectare), observou-se a formação de cinco grupos distintos, com rendimento médio de 2632,94 kg ha<sup>-1</sup>, com o híbrido SYN 045 apresentando-se como o mais produtivo, seguido pelo segundo grupo, o qual contemplou os híbridos M 734 (T), HLA 05-62, HLA 11-26, QC 6730 e SYN 039A.

Tabela 2. Resumo da análise de variância para as características avaliadas em 16 híbridos de girassol (Umuarama, PR/2014).

FV	GL	Quadrados Médios						
		PROD	PMA	TC	STD	AP	CC	ÓLEO
Blocos	3	33709,89	139,35	41,50	39,56	3114,43	0,29	0,54
Genótipos	15	842130,72**	60,51 <sup>ns</sup>	23,06**	44,46*	713,39 <sup>ns</sup>	0,68**	19,40*
Resíduo	45	28236,56	66,72	3,99	19,69	383,95	0,19	8,12
Média		2632,94	55,15	23,86	22,53	199,11	4,31	50,30
CV (%)		9,30	14,81	8,37	19,70	9,84	10,15	5,67

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F; <sup>ns</sup> não-significativo. REND = rendimento de grãos; PMA = peso de mil aquênios; TC = tamanho do capítulo; STD = estande final; AP = altura de plantas; óleo = teor de óleo por parcela (%); CC = curvatura do capítulo.

Tabela 3. Médias de sete caracteres agronômicos avaliados em 16 genótipos de girassol (UEM, Umuarama – PR, 2014).

Genótipos	Características Agronômicas						
	PROD	PMA	TC	STD	AP	CC	% ÓLEO
M 734 (T)	3135,0 b	56,9 a	23,3 c	22,8 a	189,3 a	4,5 a	53,6 a
HELIO 358 (T)	2761,0 c	54,4 a	22,3 c	23,8 a	174,8 a	5,0 a	52,5 a
HN 5218	2920,0 c	59,8 a	27,4 a	18,8 a	201,0 a	4,0 b	50,8 a
PARAÍSO 65	2128,0 d	58,9 a	25,2 b	18,3 a	198,5 a	4,0 b	52,4 a
HLA 44-49	1803,0 e	51,1 a	22,5 c	24,3 a	176,5 a	4,0 b	50,3 a
HLA 05-62	3142,0 b	54,6 a	23,2 c	18,3 a	203,8 a	4,3 b	49,4 b
HLA 44-63	2367,0 d	51,4 a	22,8 c	21,8 a	193,0 a	4,3 b	47,4 b
HLA 11-26	3193,0 b	57,3 a	23,9 c	17,5 a	189,0 a	4,3 b	49,0 b
V 60415	2144,0 d	63,5 a	24,9 b	22,3 a	216,3 a	4,0 b	47,5 b
V 70153	2144,0 d	52,6 a	29,5 a	20,8 a	216,0 a	4,5 a	53,5 a
QC 6730	3009,0 b	53,4 a	26,4 b	24,3 a	224,5 a	4,8 a	50,4 a
SULFOSOL	1813,0 e	52,6 a	21,6 c	23,5 a	195,0 a	3,5 b	51,5 a
SYN 034 A	1925,0 e	55,8 a	20,5 c	22,0 a	202,5 a	4,3 b	48,5 b
SYN 039 A	3362,0 b	47,6 a	24,6 b	29,0 a	200,5 a	4,0 a	50,3 a
SYN 042	2101,0 d	54,5 a	22,7 c	27,3 a	198,3 a	4,8 a	51,8 a
SYN 045	4180,0 a	58,5 a	21,1 a	26,3 a	207,3 a	5,0 a	46,3 b

Balbinot Jr. et al. (2009), em ensaio de avaliação de cultivares na safra 2007/2008 para a mesma época de semeadura, no estado de Santa Catarina, obteve produtividade média inferior à deste ensaio, tanto para cultivares quanto para híbridos. Isso ocorreu por deficiência hídrica no enchimento dos grãos, apresentando no centro do capítulo aquênios com reduzida massa. Cabe destacar que, durante o período de enchimento de grãos (dezembro – janeiro), a precipitação pluviométrica acumulada ultrapassou 240 mm, o que contribuiu para rendimento de grãos superiores. Matter et al. (2009), na região sul do Brasil, também encontraram valores máximos de rendimento de grãos, 2485,04 kg ha<sup>-1</sup>, utilizando genótipos semelhantes aos do presente estudo.

Observando-se os resultados obtidos pela Embrapa (2011), verifica-se que o híbrido SYN 045, também apresentou elevado rendimento de grãos nos municípios de Coxilha e Rio Pardo, estado do Rio Grande do Sul e Londrina, estado do Paraná.

Para as características peso de 1000 aquênios, estande final e altura de plantas, observou-se a formação de apenas um grupo, pelo método estatístico utilizado, indicando não haver variabilidade genética para os 16 híbridos de milho estudados, com relação a tais parâmetros. Vogt et al. (2010), em ensaios de competição de cultivares de girassol no planalto

norte catarinense, observaram resultados semelhantes ao do presente estudo, para valores médios de tamanho de capítulo, curvatura de capítulo e peso de mil aquênios. Quanto ao PMA, os híbridos apresentaram na média 55,15g, inferior aos valores obtidos por Backes et al. (2008) e Balbinot Jr. et al. (2009), mas superior aos resultados de Amorim et al. (2008).

A altura de plantas variou entre 174,8cm (híbrido Hélio 358 (T)) e 224,5 cm (híbrido QC 6730), corroborando a faixa de amplitude dos resultados obtidos por Castiglioni et al. (1994) e Embrapa (2011), mas inferiores aos dados publicados por Amorim et al. (2008). Já o tamanho médio do capítulo alcançou 23,86cm, concordando com Castro et al. (1996) e Rossi (1998), autores que citam que tal característica varia de 6 a 50cm, dependendo do genótipo, com valores superiores alcançados por genótipos híbridos e confirmando os resultados de Amorim et al. (2008).

A curvatura do capítulo apresentou valor médio de 4,31, com avaliações feitas com base na metodologia proposta por Knowles (1978), aproximando-se das médias obtidas por Amorim et al. (2007), Vogt et al. (2010).

Coimbra et al. (2009), estudando híbridos de girassol, geneticamente semelhantes ao do presente estudo, no município de Palmas, TO, observaram valores médios de altura de plantas (115,77cm), produtividade de grãos (1280,8 kg ha<sup>-1</sup>), peso de mil aquênios (48,5g), tamanho do capítulo (14,6cm) e teor de óleo (47,8%), inferiores aos obtidos para o município de Umuarama, nesta análise. Cabe destacar, que no experimento conduzido no estado do Tocantins, a semeadura ocorreu no mês de fevereiro, num local com temperatura superior e precipitação pluviométrica média durante todo o ciclo ao redor de 290 mm, demanda hídrica inferior ao da área do experimento neste estudo, podendo causar diminuição da produtividade e do teor de óleo (Acosta, 2009).

Em se tratando de teor de óleo, o teste de Scott-Knott separou os genótipos em dois grupos, com conteúdo médio de óleo de 50,3%, considerado ideal para a cultura, concordando com resultados obtidos por Coimbra et al. (2009), cujo estudo revelou teores médios ao redor de 47,8%. Segundo a Embrapa (2011), em função dos resultados obtidos em municípios paranaenses e gaúchos, utilizando-se os mesmos genótipos do presente estudo, observaram-se teores de óleo de 44% em Campo Mourão, 43,4% em Londrina (municípios do estado do Paraná) e 46,3% em Pelotas, 41% em Rio Pardo e 45,7% em Coxilha, no estado do Rio Grande do Sul. Em todos os ambientes paranaenses e gaúchos, destaca-se o híbrido HLA 05-62, com teores de óleo variando de 44 a 53,4%, concordando com valores obtidos no estado do Piauí (49,2%), de acordo com Ribeiro e Carvalho (2011).



Os genótipos SYN 042, SYN 045, SYN 034A e SYN 039A, apresentaram também elevado teor de óleo no presente estudo. De acordo com a empresa obtentora, os genótipos SYN 042 e SYN 045 são considerados convencionais, enquanto SYN 034A e SYN 039A são mutantes alto oléicos, cujo grão produz um óleo que tem perfil de ácidos graxos modificados que, devido às suas características (perfil lipídico), não oxida facilmente, evitando o processo de hidrogenação parcial e, conseqüentemente, não gerando gordura “Trans”.

Com base na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ), foram estabelecidas as medidas de dissimilaridade genética (Tabela 4), onde genótipos SULFOSOL e SYN 045 foram os mais dissimilares com  $D^2_{ii'}$  de 134,54 %, enquanto os híbridos HLA 05-62 e HLA 11-26 foram os mais similares apresentando  $D^2_{ii'}$  de 2,03%.

Diante dos resultados encontrados quanto à formação de pares dissimilares, as combinações para a formação de híbridos mais promissores, são aquelas envolvendo os genótipos com maiores valores de  $D^2_{ii'}$ , neste caso, hibridações entre os genótipos SYN 045 x SULFOSOL, SYN 045 x HLA 44-49, SYN 045 x SYN 034A, SYN 045 x V70153 e SYN 045 x PARAÍSO 65, os quais expressariam maior potencial heterótico e melhor aproveitamento em futuros programas de melhoramento.

Quando calculada a relação da distância de um genótipo perante os demais, observou-se que o genótipo SYN 045 compôs cinco combinações com maiores valores de dissimilaridade, com magnitude de  $D^2_{ii'}$  134,54; 131,61; 111,40; 108,03 e 100,48 % para as combinações entre os genótipos SYN 045 x SULFOSOL, SYN 045 x HLA 44-49, SYN 045 x SYN 034A, SYN 045 x V70153 e SYN 045 x PARAÍSO 65, respectivamente. As combinações mais similares foram obtidas entre os genótipos HLA 44-49 x SULFOSOL, HLA 05-62 x HLA 11-26, M 734 (T) x HLA 11-26 e HLA 44-63 x V60415, com as respectivas magnitudes de  $D^2_{ii'}$  ao redor de 2,03; 4,32; 4,33 e 4,64%. O genótipo HLA 11-26 participou em mais de uma combinação.

O agrupamento pelo Método de Tocher (Tabela 5), utilizando-se  $D^2_{ii'}$  como medida de dissimilaridade, dividiu os híbridos em dois grupos, com restrita divergência genética.

No grupo I foram alocados 15 genótipos avaliados, onde a dissimilaridade mais elevada foi observada entre os genótipos HLA 44-49 e HLA 11-26 ( $D^2_{ii'}$  41,85) e a maior similaridade entre os genótipos HLA 05-62 e HLA 11-26 ( $D^2_{ii'}$  2,03), dentro do mesmo grupo. O genótipo 16 (SYN 045) isolou-se pelo método de agrupamento, constituindo o Grupo II. Tal genótipo caracterizou-se pelo maior rendimento de grãos, menor tamanho de capítulo, maior curvatura do capítulo e teor de óleo inferior.

Tabela 4. Matriz de dissimilaridade - Medidas de dissimilaridade entre os 16 genótipos de girassol, em relação a sete características, com base na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii'}^2$ ) (Umuarama – PR, 2014).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	0.00	6.12	9.98	23.13	42.30	6.60	19.42	4.33	29.36	35.18	13.73	43.97	37.48	9.23	24.87	34.04
2		0.00	13.24	16.23	24.52	10.86	11.38	11.28	21.50	25.22	14.06	32.72	24.12	16.41	10.13	53.95
3			0.00	11.31	30.33	5.70	10.54	5.73	13.62	13.89	6.88	33.88	29.82	10.45	20.44	56.22
4				0.00	8.27	13.80	6.50	21.03	5.75	13.31	22.86	8.67	8.65	32.17	8.46	100.48
5					0.00	31.72	10.19	41.85	11.36	23.88	40.33	4.64	6.45	47.31	7.01	131.64
6						0.00	8.21	<b>2.03</b>	14.88	27.27	10.26	30.68	22.31	11.79	20.43	43.22
7							0.00	14.24	4.32	17.08	14.16	14.32	7.72	20.08	6.55	74.86
8								0.00	23.12	33.14	11.57	43.08	34.29	9.43	28.39	33.16
9									0.00	16.64	19.07	12.79	7.10	30.25	8.64	91.55
10										0.00	14.51	34.52	31.63	32.38	16.17	108.03
11											0.00	48.28	36.57	8.69	20.28	45.05
12												0.00	5.13	51.92	14.08	<b>134.54</b>
13													0.00	46.82	8.23	111.40
14														0.00	30.63	32.55
15															0.00	94.00
16																0.00

Os resultados obtidos pelo agrupamento de Tocher correspondem com os da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii'}^2$ ), pois os genótipos SULFOSOL e SYN 045 foram os mais dissimilares ( $D_{ii'}^2=134,54$ ), sendo alocados nos grupos (I) e (II), respectivamente. Os cruzamentos mais similares revelados pela Distância Generalizada de Mahalanobis foram obtidos entre os genótipos HLA 44-49 x SULFOSOL, HLA 05-62 x HLA 11-26, M 734 (T) x HLA 11-26 e HLA 44-63 x V60415, pertencentes ao mesmo grupo (I) pelo agrupamento de Tocher, corroborando com o que foi apresentando pela metodologia de Mahalanobis.

Tabela 5. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis ( $D_{ii'}^2$ ), estimada a partir de sete características agrônômicas, analisadas em 16 genótipos de girassol (Umuarama – PR, 2014).

Grupos	Indivíduos
I	HLA 05-62, HLA 11-26, M 734 (T), HN 5218, SYN 039 A, QC 6730, HELIO 358 (T), HLA 44-63, PARAÍSO 65, V60415, SYN 042, V70153, SYN 034 A, HLA 44-49 e SULFOSOL
II	SYN 045
TOTAL	16

O dendrograma (Figura 1) gerado pelo Método Hierárquico de ligações médias (UPGMA) construiu-se por três grupos.

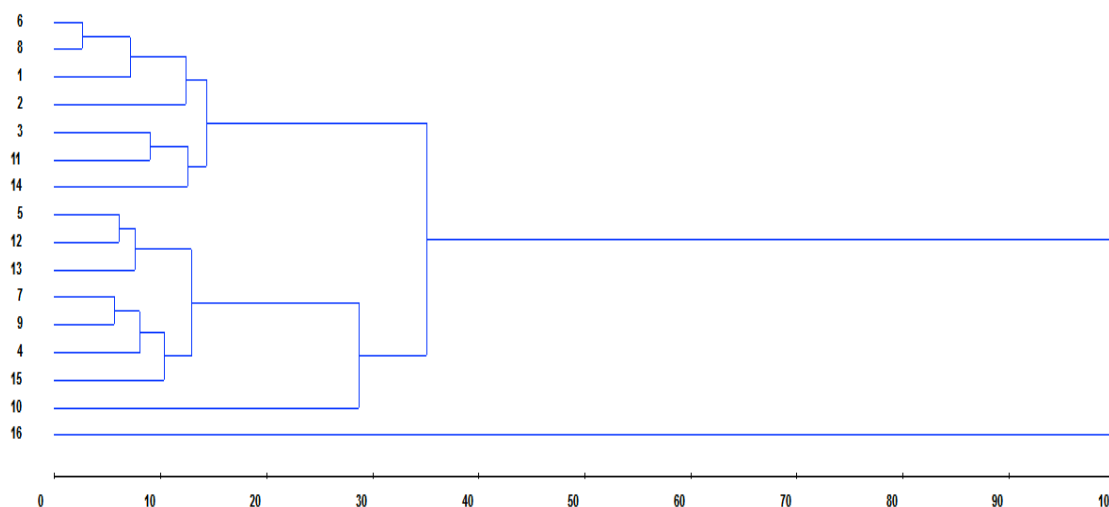


Figura 1. Dendrograma representativo da divergência genética entre os 16 cultivares de girassol, obtido pelo Método Hierárquico de ligação média “UPGMA”, utilizando como medida de dissimilaridade (Umuarama – PR, 2014).

O Grupo I foi composto pelos genótipos HLA 05-62 (6), HLA 11-26 (8), M 734 (T) (1), HELIO 358 (T) (2), HN 5218 (3), QC 6730 (11) e SYN 039 A (14). O Grupo II foi subdividido em dois grupos, com o subgrupo IIa composto pelos genótipos HLA 44-49(5), SULFOSOL (12), SYN 034 A (13), HLA 44-63 (7), V60415 (9), PARAÍSO 65 (4) e SYN 042 (15). O subgrupo IIb alocou apenas o genótipo V70153 (10) e o Grupo III constituiu-se apenas pelo genótipo SYN 045(16), sendo este o mais dissimilar entre os avaliados.

É importante destacar que as metodologias utilizadas para análise da divergência genética (Otimização de Tocher e Método Hierárquico de ligações médias (UPGMA)) baseiam-se na mesma Matriz de Dissimilaridade (Tabela 4). Entretanto, o modo como são agrupados os genótipos originam-se de análises distintas, caracterizando o Método UPGMA como mais criterioso, mostrando a formação de subgrupos (Figura 1). Dessa forma, é comum em estudos de divergência genética a apresentação de ambas as metodologias (Cruz, 1990; Amorin et al. 2007; Vogt et al. 2010), para efeitos comparativos. É possível observar, então, que sendo caracterizada como mais detalhada, a divergência genética obtida pelo Método Hierárquico de ligações médias apontou a formação de subgrupos, mas concordando com o Método de Otimização de Tocher alocou o genótipo SYN 045(16), separadamente.

O coeficiente da correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento UPGMA, demonstrou significância ao nível de 1% de probabilidade ( $P < 0,01$ ) quanto à confiabilidade da relação entre a matriz e o dendrograma, apresentando valor de 0,81\*\*,

demonstrando ajuste satisfatório entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original, possibilitando a realização de inferências por meio da avaliação visual.

Analisando a divergência genética com base nas Variáveis Canônicas (Tabela 6), verifica-se que as duas primeiras variáveis explicaram 82,07% da variação total (68,03% para a primeira e 14,04% para a segunda), possibilitando a transposição da divergência genética do espaço p-dimensional ( $p = 7$ , nesse caso) para o bidimensional com grau desprezível de distorção, provocada pelas distâncias entre os genótipos.

Tabela 6. Autovalores ( $\lambda_i$ ) correspondentes às porcentagens de variação, explicadas pelas Variáveis Canônicas ( $VC_i$ ), e coeficientes de ponderação (autovetores) de sete características, avaliadas em 16 genótipos de girassol (Umuarama – PR, 2014).

$VC_i$	Autovalores		Coeficientes de Ponderação Associados às Características <sup>1/</sup>						
	$\lambda_i$	% Acumulado	PROD	PMA	TC	STD	AP	ÓLEO	CC
$VC_1$	68,03	68,03	0,006	0,013	-0,008	-0,005	0,006	-0,090	0,779
$VC_2$	14,04	82,07	-0,004	-0,059	0,578	0,034	0,001	-0,025	0,785
$VC_3$	6,69	88,77	-0,006	-0,004	0,026	0,145	-0,027	0,109	1,496
$VC_4$	5,54	94,31	0,009	0,013	-0,034	-0,096	-0,026	0,283	-0,769
$VC_5$	3,42	97,74	0,005	-0,049	0,085	0,140	-0,010	-0,036	-1,306
$VC_6$	1,32	99,07	0,002	0,054	-0,136	0,045	0,030	0,195	-0,417
$VC_7$	0,92	100,00	-0,001	0,097	0,137	0,093	-0,024	-0,071	-0,144

<sup>1/</sup>RENDI = rendimento de grãos; PMA = peso de mil aquênios; TC = tamanho do capítulo; STD = estande final; AP = altura de plantas; ÓLEO = % óleo; CC = curvatura do capítulo.

A análise gráfica, em estudos de comparação da similaridade entre cultivares, deve ser considerada quando for possível resumir em poucas variáveis mais de 80% da variação total disponível. Para Bock (1975) se as primeiras variáveis canônicas acumularem 70% ou mais de variação total disponível entre os indivíduos avaliados, os descritores podem ser substituídos pelas mesmas.

Os resultados obtidos no presente estudo permitem demonstrar com fidedignidade a dispersão gráfica, em relação às duas primeiras variáveis canônicas, no espaço bidimensional (Figura 2). Onde é possível constatar a plena concordância da dispersão gráfica com o método de agrupamento de UPGMA, e concordando parcialmente com a Metodologia proposta por Tocher.

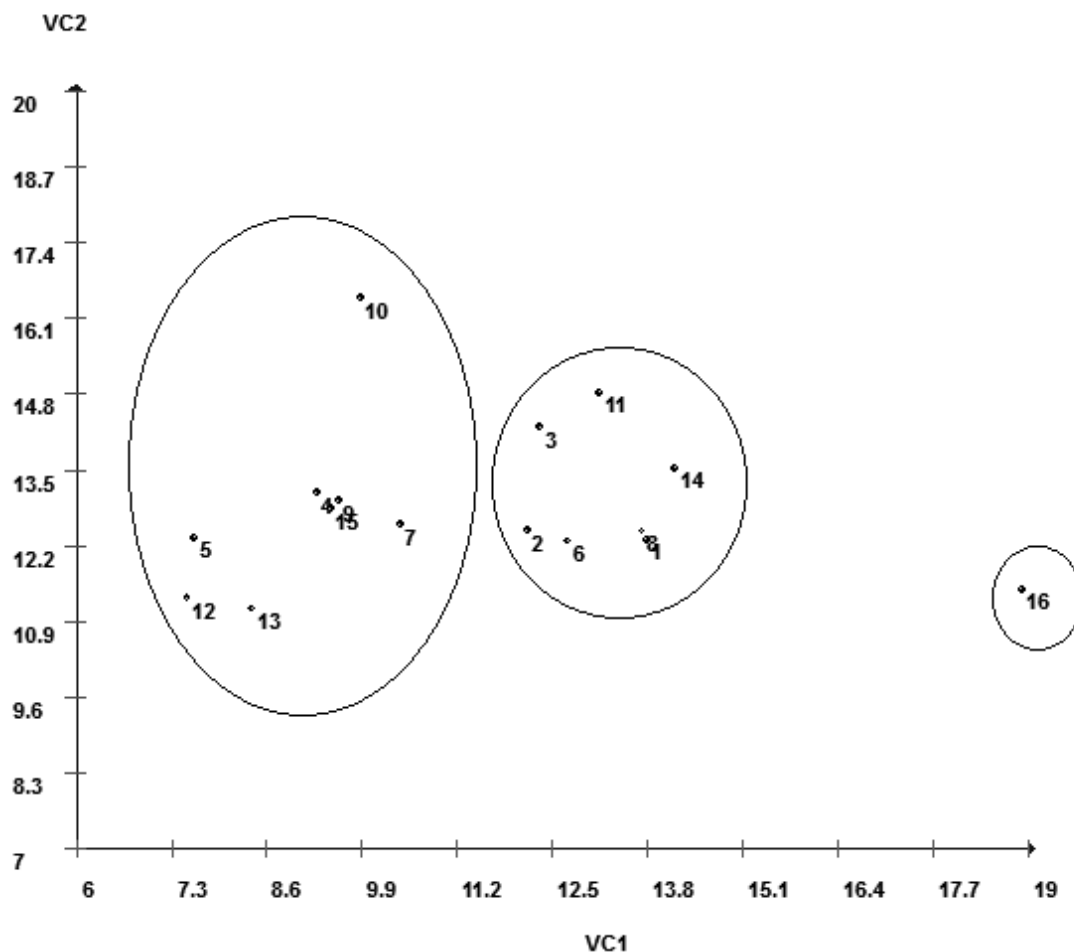


Figura 2. Dispersão gráfica dos escores, em relação aos dois eixos representativos das duas primeiras Variáveis Canônicas ( $VC_1$  e  $VC_2$ ), obtidas de sete características avaliadas em 16 cultivares de girassol (Umuarama – PR, 2014).

O conhecimento da importância relativa das características para a divergência genética possibilita o descarte das características de pouca contribuição, reduzindo mão-de-obra, tempo e custos despendidos na experimentação (CRUZ, 1990). O critério proposto por Singh (1981), baseado na Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ); propôs que as características PROD e TC (Tabela 7) foram as que mais contribuíram para a caracterização da divergência, com 62,73 e 13,47%, respectivamente. As características CC (9,01%), % ÓLEO (4,97%), STD (4,35%), AP (3,55%) e PMA (1,88%), foram as que apresentaram menor contribuição, sendo PMA a variável sugerida para descarte. Por meio da razão entre  $CV_g$  e  $CV_e$  maior que a unidade, pode-se facilmente utilizar as variáveis PROD e TC na seleção, pois apresentam também elevados valores de herdabilidade.

Tabela 7. Contribuição relativa dos sete caracteres agrônômicos avaliados para a divergência genética em 16 genótipos de girassol, segundo critério de Singh (1981) e parâmetros associados (Umuarama – PR, 2014).

Características <sup>1/</sup>	<i>S<sub>j</sub></i>	<i>S<sub>j</sub></i> (%)	Herdabilidade (%)	CV <sub>g</sub>	CV <sub>g</sub> /CV <sub>e</sub>
PROD	1990,40	62,73	96,65	24,96	2,68
PMA	59,82	1,88	0,00	0,00	0,00
TC	427,56	13,47	82,70	9,15	1,09
STD	138,18	4,35	55,70	11,04	0,56
AP	112,80	3,55	46,18	4,56	0,46
% ÓLEO	157,75	4,97	58,14	3,34	0,59
CC	285,98	9,01	71,95	8,13	0,80

Resultados conduzidos por Amorim et al. (2007), visando estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética, indicou que os caracteres início do florescimento (13,10%), florescimento em dias (50%) (37,10%), altura de inserção do capítulo (18,55%) e número de folhas (9,10%), foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 15 genótipos de girassol (78,05%). Os autores comentam ainda que, Alvarez et al. (1996), verificaram que o início do florescimento e o número de folhas também foram importantes na discriminação da divergência genética entre populações de girassol. Tais caracteres não foram avaliados no presente trabalho, mas mediante a constatação da importância relativa, serão alvo de estudos posteriores.

Observa-se por meio da razão entre o Coeficiente de Variação Genética (CV<sub>g</sub>) e o Coeficiente de Variação Experimental (CV<sub>e</sub>), valor maior que a unidade para as características PROD e TC, inferindo-se pela facilidade na seleção para tais caracteres. Além disso, as herdabilidades elevadas (96,65%) e (82,70%), respectivamente também contribuem para os procedimentos de seleção. Segundo Amorim e Souza (2005), a obtenção de linhagens a partir de híbridos é uma alternativa viável, pois o comportamento de tais genótipos já foi estudado em locais distintos e ainda é possível encontrar proporção satisfatória de locos favoráveis já fixados.

## CONCLUSÕES

Embora restrita, existe variabilidade genética entre os 16 híbridos de girassol para as características morfo agrônômicas avaliadas, exceto para peso de 1000 aquênios e altura de plantas. As características rendimento de grãos e tamanho do capítulo contribuíram significativamente na divergência genética observada entre os híbridos. É possível identificar

materiais genéticos divergentes para a obtenção de linhagens e/ou formação de novas populações, nas condições edafoclimáticas da Região Noroeste do estado do Paraná.

## REFERÊNCIAS

- ACOSTA, J.F. Water consumption of sunflower crop in irrigated region of Chapada do Apodi - RN State. 56. Dissertação (Mestrado em Meteorologia) – Universidade Federal de Campina Grande, Centro de Tecnologia e Recursos Naturais. 2009.
- ALVAREZ, M.P., MANCUSO, N., FRUTOS, E. Genetic divergence among open pollinated populations of sunflower (*Helianthus annuus* L.). In: International Sunflower Conference, 14., Beijing. **Proceedings** Beijing: ISA, p.230-235, 1996.
- AMORIM, E. P., RAMOS, N. P., UNGARO, M. R. G., KIIHL, A. M.T., 2008. Correlações e Análise de Trilha em Girassol. **Bragantia**. v.67, n.2, p.307-316, 2008.
- AMORIM, E. P., RAMOS, N. P., UNGARO, M. R. G., KIIHL, A. M.T. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**. v.31, p.1637-1644, 2007.
- AMORIM, E. P., SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**. v.64, p.561-567, 2005.
- ARSHAD, M., ILYAS, M. K., KHAN, M. A. Genetic divergence and path coefficient analysis for seed yield traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids. **Pakistan Journal of Botany**. v.39, p.2009-2015, 2007.
- BACKES, R. L., SOUZA, A. M., BALBINOT JUNIOR, A. A., GALLOTTI, G. J. M., BAVARESCO, A. Desempenho de cultivares de girassol em duas épocas de Plantio de safrinha no planalto norte catarinense. **Scientia Agricola**. v.9, p.41-48, 2008.
- BALBINOT JUNIOR, A. A., BACKES, R. LUIZ., SOUZA, A. M. de. Desempenho de cultivares de girassol em três épocas de semeadura no planalto norte catarinense. **Scientia Agricola**. v.10, p.127-133. 2009.
- BARELLI, M.A.A. Characterization of traditional germplasm of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Mato Grosso do Sul State. 69. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá. 2004.
- BERTAN, I., CARVALHO, F. I. F., OLIVEIRA, A. C., VIEIRA, E. A., HARTWIGL, I., SILVA, J. A. G., SHIMIDT, D. A. M., VALÉRIO, I. P., BUSATO, C. C., RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**. v.12, p.279-286, 2006.
- BOCK, R.D. **Multivariate statistical methods in behavioral research**. New York, McGraw-Hill, 87. 1975.
- CASTIGLIONI, V.B.R., BALLA, A., CASTRO, C. **Fases de desenvolvimento da planta de girassol**. Londrina, Embrapa Soja, 24. 1994.
- CASTRO, C., CASTIGLIONI, V.B.R., BALLA, A. **Cultura do girassol: tecnologia de produção**. Londrina, Embrapa Soja, 19. 1996.
- CASTRO, C., FARIAS, J.R.B. Ecofisiologia do girassol. In: LEITE, R.M.V.B., BRIGHENTI, A.M., CASTRO, C. (Eds.). **Girassol no Brasil**. Londrina, Embrapa Soja, p.163-218, 2005.

- COIMBRA, R. RODRIGUES., AMÁBILE, R. F., ARCHANGELO, E. R., ALMEIDA, M. B. DE., MARTINS, E. C. A., VALADARES, L. L., BATISTA, A. P. Potencial produtivo e divergência genética de cultivares de girassol. **Revista Integralização Universitária**. v.1, p.1-6, 2009.
- CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, 585. 2003.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, 394. 1994.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: Análise Multivariada e Simulação**. Viçosa, UFV, 396. 2006.
- CRUZ, C.D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. 188. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1990.
- EMBRAPA. **Informes da avaliação de genótipos de girassol 2010/2011 e 2011**. Londrina: CNPso, 98p. 2011.
- EMBRAPA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Revista e Ampliada, 2013. 353p.
- KNOWLES, P.E. Morphology an anatomy. In: Carter, J.F. (Ed.). **Sunflower science and technology**. Madison, ASA, p.55-88. 1978.
- MATTER, E., SCHWERTNER, D.V., ANTONOW, D., MATTIONI, T.C., FONTANIVA, C., SILVA DA, A. J., GARCIA, D.C., KRÜGER, C.M.B., SILVA, J.A.G. Parâmetros genéticos em caracteres de importância agrônômica em girassol. Palmas, Universidade Federal do Tocantins, p.1-5. 2009.
- MESSETI, A.V.L., PADOVANI, C.R. O uso da dispersão gráfica por variáveis canônicas com ênfase em melhoramento genético. Uberlândia, UFU, p.373-376. 2004.
- MOHAN, G. S., SEETHARAM, A. Genetic divergence in lines of sunflower derived from interspecific hybridization. **Sabrao Journal of Breeding and Genetics**. v.37, p.77-84. 2005.
- OLIVEIRA, M. F., CASTIGLIONI, V.B.R., CARVALHO, C.G.P. Melhoramento do girassol. In: LEITE, R. M.V.B., BRIGHENTI, A. M., CASTRO, C. (Eds.). **Girassol no Brasil**. Londrina, Embrapa Soja, p.269-297. 2005.
- OLIVEIRA, V. R., SCAPIN, C. A., CASALI, V. W. D. Diversidade genética e eficiência da predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Acta Scientiarum Agronomy**. v.20, p.263-267. 1998.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York, John Wiley e Sons, 389. 1952.
- RIBEIRO, J.L., CARVALHO, C.G.P. de. **Evaluation of genotypes of sunflower in Mata Roma and Colinas County, Maranhão State, Brasil, in the agricultural year 2009/2010**. 19ª Reunião Nacional de Pesquisa de Girassol/7º Simpósio Nacional sobre a Cultura do Girassol - Aracaju/SE, 259. 2011.
- ROSSI, R.O. **Girassol**. Curitiba, Tecnoagro, 333. 1998.
- SCOTT, A. J., KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. v.30, p.507-512. 1974.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics**. **Plant Breeding**. v. 41, p.237-245. 1981.



SUBRAHMANYAM, S. V., KUMAR, S. S., RANGANATHA, A. R. G. Genetic divergence for seed parameters in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**. v.26, p.73-80. 2003.

VOGT, G. A., BALBINOT JUNIOR, A. A., SOUZA, A. M. de. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. **Scientia Agricola**. v.11, p.307-315. 2010.