

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE GIRASSOL

Cristieny de Souza Paiva<sup>1</sup>; Danilo de Lima Gonçalves<sup>2\*</sup>; Taniele Carvalho de Oliveira<sup>2</sup>; Paulo Ricardo Jungers dos Santos<sup>2</sup>; Claudete Rosa da Silva<sup>3</sup> e Marco Antonio Aparecido Barelli<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Engenheira Agrônoma, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Cáceres, MT, Brasil. E-mail: cristienypaiva@gmail.com; <sup>2</sup>Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Cáceres, MT, Brasil. E-mail: dlg\_net@hotmail.com, tani.ele@hotmail.com, pauloricardojonges@hotmail.com; <sup>3</sup> Professora Adjunta da Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Parauapebas, PA, Brasil. E-mail: clararozzy@yahoo.com.br; <sup>4</sup> Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Cáceres, MT, Brasil. E-mail: mbarelli@unemat.br.

**RESUMO:** *Objetivando avaliar a divergência genética de genótipos de girassol provenientes da EMBRAPA/SOJA, foram conduzidos e avaliados 19 genótipos na área experimental pertencente à EMPAER de Cáceres-MT, utilizando o delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições, avaliando cinco características. Os dados foram submetidos, à análise de variância e ao teste de Tukey (a 5% de probabilidade), a divergência genética foi estimada a partir da distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ) e pelo método de agrupamento de Tocher e de UPGMA, utilizando o recurso computacional Genes. A análise de variância revelou diferenças significativas a 1% de probabilidade entre os genótipos para a maioria das características avaliadas. Os genótipos HLT 5002 e EXP 1452 foram os mais dissimilares, enquanto que os HELIO 358 e BRS-GIRA 26 apresentaram maior similaridade. Os caracteres altura de planta e florescimento contribuíram com 68% da divergência genética, entre os genótipos analisados. Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA foram eficientes e semelhantes na representação da distância morfológica entre os genótipos avaliados. As três primeiras Variáveis Canônicas foram suficientes para explicar cerca de 89,04% da variação total observada. Logo, os resultados obtidos poderão proporcionar avanços tecnológicos para o melhoramento genético da cultura do girassol.*  
**PALAVRAS-CHAVE:** *Helianthus annuus L. melhoramento de plantas. variabilidade genética.*

## GENETIC DIVERGENCE BETWEEN GENOTYPES OF SUNFLOWER

**ABSTRACT:** *Objetivando avaliar a divergência genética de 19 genótipos de girassol provenientes da EMBRAPA/SOJA, foram conduzidos e avaliados na área experimental pertencente à EMPAER de Cáceres – MT, utilizando o delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições, avaliando cinco características. Data were subjected to analysis of variance and Tukey test (5% probability), the genetic divergence was estimated from the generalized Mahalanobis distance ( $D_{ii}^2$ ) and by the Tocher method and UPGMA, using the computational resource Genes. The analysis of variance revealed significant differences at 1% probability among the genotypes for most evaluated characteristics. The genotypes HLT 5002 and EXP 1452 were dissimilar, while the genotypes HELIO 358 and BRS-TURN 26 had higher similarity. The characters plant height and beginning of flowering contributed to 68% of the genetic divergence among 19 sunflower genotypes. The Tocher and UPGMA cluster analysis were efficient and similar in the representation of morphological distance between the genotypes evaluated. The first three canonical variables were sufficient to explain around 89.04% of the total variation showed. Therefore, the results obtained may afford technological advances for genetic improvement of the sunflower cultivation.*

**KEY WORDS:** *Helianthus annuus L, plant breeding, Genetic variability.*

## INTRODUÇÃO

O girassol (*Helianthus annuus* L) é uma *Asteraceae* de ampla adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas (Ungaro, 1981). A sua crescente demanda está associada à extração de óleo de excelente qualidade para consumo humano, fabricação de ração animal e matéria-prima para a produção de biodiesel. A cultura é considerada uma importante alternativa econômica em sistemas de rotação, consórcio e sucessão de cultivos nas regiões produtoras de grãos (Porto et al., 2007).

Embora, seja uma cultura em expansão, há a necessidade de adequá-la aos diferentes sistemas de produção das principais culturas de grãos do Brasil, sendo imprescindíveis os esforços dos programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de genótipos que apresentem, simultaneamente, alto teor de óleo, ciclo precoce, porte reduzido, resistência a fatores bióticos e abióticos, além de alto potencial produtivo (Oliveira et al., 2005; Porto et al., 2007). Neste sentido, pesquisas em melhoramento genético estão sendo realizadas para obtenção e avaliação de genótipos sob aspectos importantes no processo produtivo (Messetti e Padovani, 2004).

A estimativa da divergência genética entre diferentes genótipos de girassol vem sendo estudada, com a finalidade de selecionar genitores para a formação de híbridos ou ainda na formação de novas populações segregantes, oriundas do inter cruzamento de genótipos divergentes com características agronômicas complementares (Manjula et al., 2001; Miljanovic et al., 2000; Subrahmanyam et al., 2003; Rao et al., 2004; Amorin et al., 2007).

De acordo com Barelli et al. (2009), estudos sobre divergência genética são de grande importância em programas de melhoramento, por fornecerem parâmetros para a identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes, além de facilitarem o conhecimento da base genética da população.

Para determinar quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra é necessário a utilização de métodos biométricos, onde se quantifica ou se estima a heterose, que são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Sudré et al., 2005). Neste contexto, vários métodos podem ser utilizados, dentre eles estão a distância generalizada de Mahalanobis, a qual leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas (Cruz e Carneiro, 2003) e o método de agrupamento e/ou dispersão gráfica. Os métodos de agrupamento buscam separar um grupo original de observações em vários

subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006).

Portanto, objetivou-se no presente trabalho quantificar a variabilidade genética disponível em diferentes genótipos de girassol e identificar quais características morfoagronômicas, dentre as avaliadas, contribuem significativamente para essa divergência.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no Centro de Pesquisa e Extensão de Cáceres – MT, da Empresa Mato-grossense de Pesquisa e Extensão Rural (EMPAER). Foram avaliados 19 genótipos de girassol oriundos da EMBRAPA/SOJA, os quais fazem parte do programa de Melhoramento genético de girassol EMBRAPA/SOJA (Tabela 1).

**Tabela 1** - Genótipos de girassol identificados quanto à empresa obtentora e pais de origem (Cáceres-MT, 2008)

	Genótipo	Empresa	Origem
1	EXP 1452	Seminium	Argentina
2	ZENIT	Sembras	Brasil
3	SEM 822	Sembras	Brasil
4	EXP 1450	Seminium	Argentina
5	NEON	Sembras	Brasil
6	AGROBEL 960	Seminium	Argentina
7	M 734	Dow Agrosience	Argentina
8	HELIO 358	Helianthus Brasil	Brasil
9	HLT 5004	Helianthus Brasil	Brasil
10	V 20041	Advanta	Argentina
11	HLT 5002	Helianthus Brasil	Brasil
12	HLS 07	Helianthus Brasil	Brasil
13	TRITON MAX	Sembras	Brasil
14	Embrapa 122	Embrapa	Brasil
15	BRS-GIRA 26	Embrapa	Brasil
16	MG 100	Dow Agrosience	Argentina
17	NTO 3.0	Dow Agrosience	Argentina
18	HLE 15	Helianthus Brasil	Brasil
19	Paraiso 33	Nidera	Brasil

Cada genótipo foi semeado em uma parcela de quatro linhas de 6,0m de comprimento espaçadas de 0,70m e com área útil de duas linhas centrais, eliminando-se 0,50m de cada extremidade da parcela. A distância entre plantas foi de 0,30m, totalizando 21 covas por linha.

A densidade da semeadura foi três sementes por cova, totalizando uma população média de 45.000 plantas por hectares.

A adubação de plantio foi realizada no sulco, com 260 kg ha<sup>-1</sup>, da fórmula 4-30-16 (10 kg ha<sup>-1</sup> de N, 80 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, 40 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O) e 2 kg ha<sup>-1</sup> de Boro. A adubação de cobertura foi realizada 32 dias após a emergência das plantas, com 200 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônio. Fez-se o desbaste 15 dias após a emergência das plantas, deixando 21 plantas por linha. Os demais tratamentos culturais foram realizados para o bom andamento do experimento.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e dezenove tratamentos. Os caracteres morfológicos mensuradas neste experimento foram: florescimento (FL, em dias): 50% das plantas na parcela apresentam pétalas amarelas; Maturação fisiológica (MF, em dias): quando 90% das plantas da parcela apresentam capítulos em brácteas de coloração entre amarelo e castanho (30% de umidade nos aquênios); Altura de plantas (AP, em cm): medida da base do solo até a inserção do capítulo, em dez plantas competitivas da parcela útil; Curvatura do caule (CC): segundo critérios de Castiglioni et al., (1994) segue-se uma escala de 1- nenhuma curvatura até 7 – totalmente curvado. Avaliação visual realizada na maturação fisiológica; Diâmetro de Caule (DC, em cm): obtido através da média de 20% das plantas competitivas na área útil da parcela medida no ponto de maturação fisiológica.

Os dados dos caracteres morfológicos foram submetidos à análise de variância utilizando o teste de F, a comparação das médias pelo teste de Tukey. A divergência genética entre os genótipos foi estimada a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* ( $D^2_{ii'}$ ), o agrupamento pelo método de otimização de Tocher e por meio de análises de Variáveis Canônicas, utilizando o recurso computacional Genes (Cruz, 2013) e o método de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), pelo programa computacional R.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da variância para as cinco características avaliadas (Tabela 2), foram detectadas diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) para a maioria das características avaliadas, exceto para diâmetro do caule (DC), este fato indica que, pelo menos, um dos genótipos difere significativamente dos demais em relação às características avaliadas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados.

O coeficiente de variação experimental foi de baixa magnitude e oscilou entre 8,18% para florescimento (FL) à 11,63% para DC. Amorim et al., (2007) avaliando a divergência

genética em girassol constataram valores semelhantes para o coeficiente de variação que oscilou de 2,76 a 25,85% para estas mesmas características avaliadas.

**Tabela 2** - Valores e significâncias dos Quadrados Médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, com base na média das parcelas para as cinco características, em 19 genótipos de girassol (Cáceres-MT, 2008)

FV	GL	Quadrados Médios <sup>1/</sup>				
		FL	MF	AP	CC	DC
Blocos	3	15,31	77,91	56,37	0,39	18,64
Tratamentos	18	113,58**	59,19**	978,61**	1,47**	3,52 <sup>NS</sup>
Resíduo	54	18,76	15,27	83,49	0,35	3,31
Média	-	52,97	93,97	133,20	4,67	15,66
CV (%)	-	8,18	4,16	6,86	12,72	11,63

<sup>1/</sup> FL: Florescimento (dias); MF: Maturação Fisiológica (dias); AP: Altura de Planta (cm); CC: Curvatura do Caule (escala de 1 – nenhuma curvatura até 7 – totalmente curvado); DC: Diâmetro do Capítulo (cm).

\*\* , \* significativos respectivamente nos níveis de 1% e 5% de probabilidade, pelo teste F.

<sup>NS</sup> não significativo, pelo teste F.

Diante das médias dos 19 genótipos em relação às cinco características avaliadas e o resultado do teste de comparação de médias pelo teste de Tukey (Tabela 3), pode-se inferir que houve diferença significativa entre as médias de quatro características, exceto para DC.

Para o caráter FL, o genótipo V 20041, em valor absoluto (60 dias) foi o que apresentou o maior período para o florescimento, porém não diferiu estatisticamente dos demais genótipos. Os genótipos EXP 1452 e o HLE 15, em valor absoluto com FL de 43,50 e 45,00 dias, respectivamente, foram mais precoces, não diferindo estatisticamente de outros genótipos.

Quanto à maturação fisiológica (MF), os genótipos mais precoces foram HLE 15 e Embrapa 122, apresentando valor absoluto de maturação de 86,5 e 89,5 dias, respectivamente. e o genótipo mais tardio foi o EXP 1450, por apresentar maturação fisiológica de 103 dias. As médias do genótipo Embrapa 122 (considerado precoce), para FL e MF estão dentro do intervalo apresentado no ensaio conduzido pela Embrapa Soja na cidade de Cáceres-MT em 2006 (Embrapa, 2007). Fator que fortalece a indicação deste genótipo quanto ao seu potencial de precocidade.

De acordo com Oliveira et al. (2005) os programas brasileiros buscam selecionar genótipos precoces, visando aproveitar a entressafra das grandes culturas, fato ainda pouco explorado na Argentina, onde o girassol é cultivado como cultura principal e seu ciclo varia de médio a tardio. A seleção nesses dois ambientes distintos pode ter contribuído para a

separação, em diferentes grupos, dos genótipos pertencentes aos programas de melhoramento brasileiros e argentinos.

**Tabela 3** - Análise comparativa de médias, pelo teste Tukey, dos 19 genótipos de girassol em relação às quatro características significativas avaliadas (Cáceres-MT, 2008)

Genótipo	FL (dias)	MF (dias)	AP (cm)	CC (1 – 7)
EXP 1452	43,50 e	92,75 bcd	113,75 ef	4,00 bc
ZENIT	47,50 bcde	91,75 bcd	117,00 def	5,50 ab
SRM 822	54,50 abcde	91,00 bcd	134,83 bcde	4,00 bc
EXP 1450	55,00 abcd	103,00 a	138,75 bcd	3,75 c
NEON	59,25 a	97,25 abc	135,25 bcde	5,00 abc
AGROBEL 960	51,50 abcde	92,25 bcd	120,33 de	4,75 abc
M 734	53,25 abcde	97,75 abc	128,66 cde	5,50 ab
HELIO 358	47,75 bcde	92,75 bcd	134,08 bcde	5,00 abc
HLT 5004	57,25 abc	92,25 bcd	153,83 ab	4,75 abc
V 20041	60,00 a	93,00 abcd	164,33 a	4,50 abc
HLT 5002	55,75 abcd	96,00 abcd	93,66 f	4,00 bc
HLS 07	58,75 ab	93,25 abcd	139,91 bcd	4,75 abc
TRITON MAX	58,00 abc	100,00 ab	135,00 bcde	4,00 bc
Embrapa 122	50,00 abcde	89,50 cd	129,58 cde	5,25 abc
BRS-GIRA 26	47,25 cde	90,50 bcd	138,66 bcd	5,00 abc
MG 100	58,75 ab	94,25 abcd	150,91 abc	4,25 abc
NTO 3.0	56,25 abcd	96,00 abcd	144,66 abc	5,00 abc
HLE 15	45,00 de	86,50 d	130,49 bcde	5,75 a
Paraíso 33	47,25 cde	95,75 abcd	127,16 cde	4,00 bc

\* Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste Tukey.

Para a característica altura de planta (AP), com média de 133,2 cm, apresentando valor absoluto de variando entre 164,33 cm e 93,66 cm para os genótipos V20041 e HLT 5004, respectivamente. Essa média está próxima da observada por Amorim et al. (2007) de 123 cm para essa característica. Pires et al. (2007) afirmam que uma maior altura de plantas reflete em maior nível de acamamento e quebramento de colmo. Além disso, no processo de colheita mecanizada, capítulos de plantas mais baixas, acamadas ou quebradas tendem a passar por baixo da plataforma sem entrar no processo de trilha e plantas muito altas acabam sendo jogadas para fora da plataforma após o corte, aumentando as perdas relacionadas à colheita.

De acordo com Castiglioni et al. (1994) a curvatura do caule apresenta sete classificações, variando de plantas com caule reto e capítulos voltados para cima (1) a plantas com caule quebrado com capítulo aderido ou se desprendendo do caule (7). Neste trabalho a média de classificação obtida foi de 4,67 cm. Este valor é favorável, segundo o autor, uma vez que as plantas com classificação intermediária (inclinação média) são as mais desejadas, por apresentarem menor risco de danos provocados por pássaros e pela dificuldade de escoamento

de água dos capítulos, como ocorre com as plantas de classificação 1 ou de perdas de capítulo durante a colheita mecanizada, com maior propensão de acontecer na classificação 7.

A ausência de diferenças significativas para a característica DC pode ser devido ao fato dos genótipos apresentarem um valor padronizado entre as médias dessa característica. Segundo Vieira (2005), a redução de luminosidade, a temperatura e o fotoperíodo são os principais fatores que afetam o diâmetro de capítulos. Como todos os genótipos foram expostos às mesmas condições ambientais, e não ocorrendo oscilações bruscas para estas variáveis durante o período de realização do experimento, não se observou grandes diferenças para os valores de diâmetro do capítulo.

Para as cinco características avaliadas, os genótipos mais dissimilares foram o 10 (V 20041) e 11 (HLT 5002), por apresentarem o máximo de distância, com valor da Distância Generalizada de *Mahalanobis* de  $D^2_{ii'}$  (72,56). A menor magnitude de distância foi apresentada pelos genótipos 08 (HELIO 358) e 15 (BRS-GIRA 26), em virtude do valor de  $D^2_{ii'}$  (0,73), comportando-se como os mais similares. Dentre as maiores distâncias apresentadas de cada genótipo verificou-se que o genótipo 01 (EXP 1452) apresentou, em relação à formação de pares dissimilares com os demais genótipos, cinco entre as dez possibilidades de formação de pares, e o genótipo 04 (EXP 1450) apresentou três possibilidades entre as dez. Para as combinações mais similares entre todos os genótipos, um deles participa em mais de uma combinação, o genótipo 08 (Helio 358) que participa em combinações com os genótipos 15 (BRS-GIRA 26), 14 (Embrapa 122) e 18 (HLE 15).

De acordo com Maluf et al. (1983), a utilização de medidas de dissimilaridade genética como preditoras do valor do híbrido no início de programas de melhoramento, onde se dispõe de um grande número de genótipos, é uma ferramenta útil, pois a escolha de progenitores para hibridação, ao invés de aleatória, poderia ser realizada por meio de um estudo de diversidade genética limitando-se os cruzamentos apenas entre as combinações mais promissoras, com economia de tempo e mão de obra. Utilizando genótipos dissimilares, apresentando médias altas para características complementante e distintas entre si.

O método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 19 genótipos em quatro grupos distintos. O grupo I reuniu o maior número de genótipos (HELIO 358, BRS-GIRA 26, Embrapa 122, HLE 15, ZENIT, Paraíso 33, M 734, SEM 822 e AGROBEL 960). O grupo II reuniu oito genótipos (HLS 07, NTO 3.0, MG 100, HLT 5004, EXP 1450, V 20041, NEON e TRITON MAX). Para ambos os grupos, sugere-se os genótipos reunidos em cada grupo fazem parte de um mesmo grupo heterótico. Para os grupos III e IV, ambos foram

constituídos apenas por um genótipo cada, sendo o EXP 1452 e HLT 5002, respectivamente, comprovando a dissimilaridade destes dois genótipos já evidenciada na distância generalizada de *Mahalanobis*.

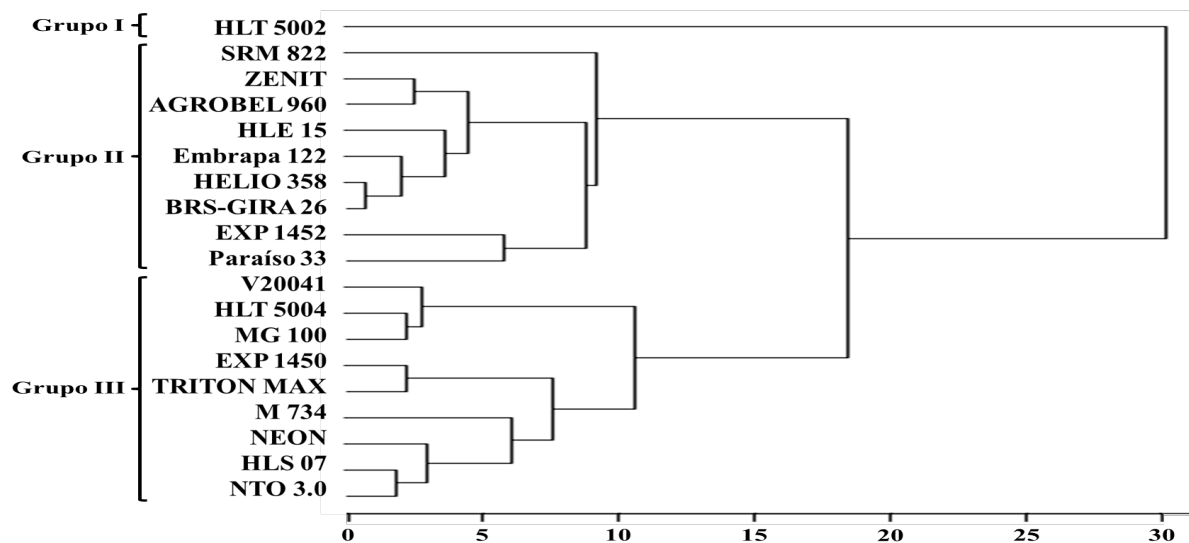
A comparação das médias, obtidas pelo teste Tukey, para as características FL e MF, foram concordantes com os grupos gerados pelo método de agrupamento de Tocher, permitem inferir sobre diferenças entre os grupos (Tabelas 3). No grupo I e III, estão presentes genótipos com intervalos entre o FL e a MF menores, classificados como precoces, enquanto que no grupo II estão inclusos apenas genótipos mais tardios. Além disso, em valor absoluto, os genótipos mais precoces como o HLE 15 e Embrapa 122 são de origem brasileira, enquanto que os genótipos mais tardios (V 20041 e EXP 1450) são de origem argentina.

Resultados diferentes ao deste trabalho foram observados por Rigon et al. (2012) avaliando a dissimilaridade genética entre cultivares de girassol em diferentes localidades por meio de caracteres quantitativos, observaram que o agrupamento de Tocher, independentemente do ambiente, obteve a formação de três grupos, demonstrando bom grau de diversidade genética. Silva et al. (2011) avaliando a distância genética em 24 genótipos de girassol no município de Augusto Pestana-RS, observaram que o método de agrupamento de Tocher possibilitou a distribuição dos genótipos de girassol avaliados em cinco grupos distintos.

O resultado obtido na análise de agrupamento (UPGMA) mostrou a formação de três grupos distintos (Figura 1). O grupo I agrega apenas o genótipo LHT 5002, o qual mostrou a maior distância entre os genótipos, equiparando-se ao método de Tocher que também isolou este genótipo em um grupo distinto dos demais. O Grupo II formado pelos genótipos SEM 822, ZENIT, AGROBEL 960, HLE 15, Embrapa 122, HELIO 358, BRS-GIRA 26, EXP 1452 e Paraíso 33. Já o Grupo III é formado pelos genótipos V20041, HLT 5004, MG 100, EXP 1450, TRITON MAX, M 734, NEON, HLS 07 e NTO 3.0.

O dendrograma de UPGMA foi concordante com as distâncias de *Mahalanobis*, onde os genótipos 08 (HELIO 358) e 15 (BRS-GIRA 26) são os mais similares, e os genótipos mais dissimilares são HLT 5002 e EXP 1452, sendo que o genótipo HLT 5002 pertence ao Grupo I e o genótipo EXP 1452 pertence ao Grupo II.





**Figura 1** - Dendrograma obtido a partir de cinco caracteres agrônômicos, avaliados em 19 genótipos de girassol, com base na distância de *Mahalanobis* (Cáceres, 2008).

Vogt et al. (2012) estimando a divergência fenotípica entre 17 genótipos de girassol no município de Papanduva-SC, observaram a formação de três grupos pelo método de UPGMA. Silva et al. (2011) avaliando a distância genética em 24 genótipos de girassol no município de Augusto Pestana-RS, observaram que o método de agrupamento de UPGMA agruparam os genótipos em cinco grupos distintos.

A avaliação da diversidade genética, utilizando a técnica de análise de Variáveis Canônicas (Tabela 4) indicou que as três primeiras Variáveis Canônicas explicam cerca de 89,04% da variação total (61,55% para a primeira, 15,97% para a segunda e 11,5% para a terceira).

**Tabela 4** - Estimativas de autovalores ( $\lambda_i$ ) correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas variáveis canônicas ( $VC_i$ ), e coeficientes de ponderação (autovetores) de cinco características, avaliadas em 19 genótipos de girassol (Cáceres - MT, 2008)

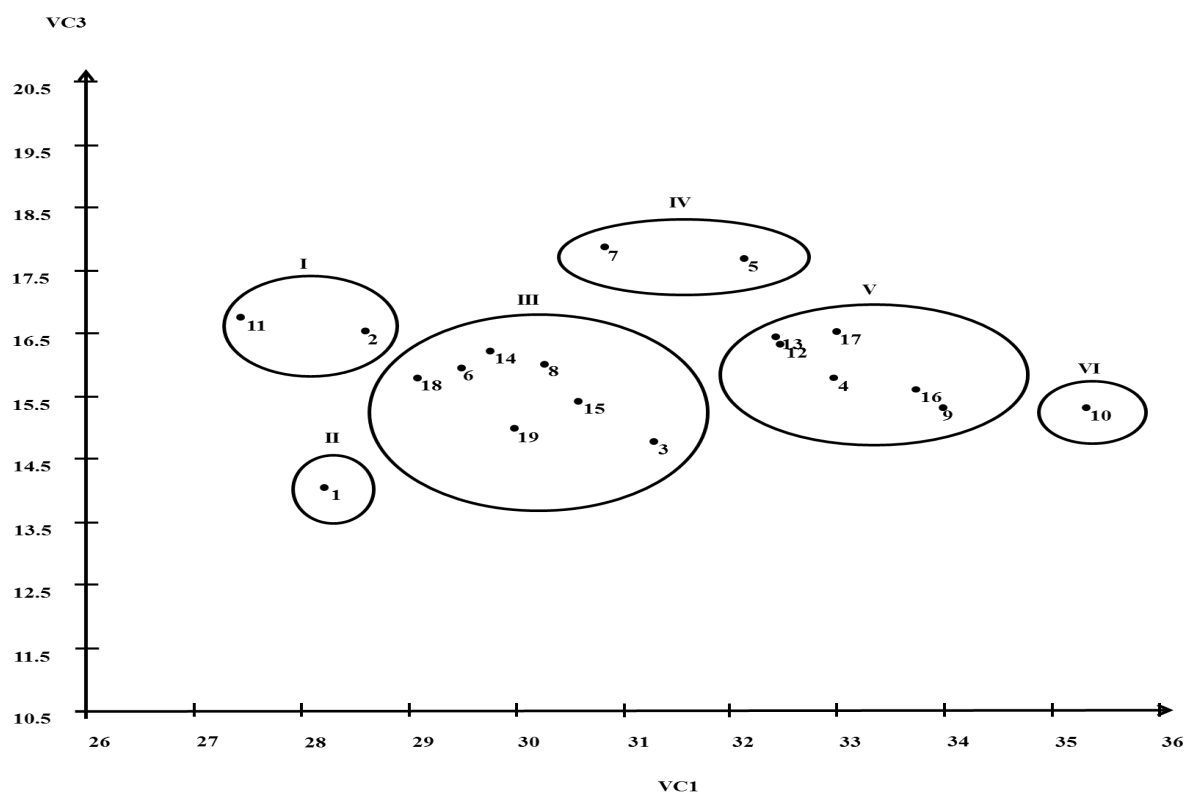
$VC_i$	Autovalores		Autovetores associados				
	$\lambda_i$	Acumulado (%)	FL	MF	AP	CC	DC
VC1	61,55	61,55	0,117	0,095	0,106	-0,135	0,156
VC2	15,97	77,53	0,055	0,097	-0,031	-1,047	0,012
VC3	11,50	89,04	0,100	0,120	-0,027	1,388	-0,226
VC4	8,38	97,42	-0,176	0,204	0,034	0,168	-0,194
VC5	2,57	100,0	-0,004	0,708	-0,005	0,378	0,476

<sup>//</sup> FL: Florescimento (dias); MF: Maturação Fisiológica (dias); AP: Altura de Planta (cm); CC: Curvatura do Caule (escala de 1 – nenhuma curvatura até 7 – totalmente curvado); DC: Diâmetro do Capítulo (cm).

Resultados semelhantes forma observados por Coimbra et al. (2009) avaliando o desempenho produtivo e a divergência genética de 14 cultivares de girassol na região de

Palmas, observaram que as três primeiras variáveis canônicas explicaram 84,24% da variação total. Entretanto diferem do trabalho realizado por Vogt et al. (2010) onde estimando a divergência genética entre 17 cultivares de girassol com base em caracteres morfológicos e fisiológicos município de Papanduva-SC, observaram que apenas duas foram suficientes para representar 83,90% da variância genética dos cultivares.

A visualização da dispersão gráfica (Figura 2) mostra a existência de divergência genotípica entre os 19 genótipos de girassol para os cinco caracteres avaliados. No grupo I, foram agrupados os genótipos 11 (HLT 5002) e 02 (ZENIT).



**Figura 2** - Dispersão gráfica dos escores, em relação aos dois eixos representativos das três primeiras Variáveis Canônicas (VC1, VC2 e VC3), obtidas de cinco características avaliadas em 19 genótipos de girassol (Cáceres-MT, 2008).

O grupo II agregou-se apenas o genótipo 01 (EXP 1452). O grupo III foi formado pelos genótipos 18 (HLE 15), 06 (Agrobel 960), 14 (Embrapa 122), 19 (Paraíso 33), 08 (HELIO 358), 15 (BRS-GIRA 26) e 03 (SRM 822). No grupo IV, os genótipos 07 (M734) e 5 (NEON). O grupo V formado pelos genótipos 13 (TRITON MAX), 12 (HLS 07), 04 (EXP 1450), 17 (NTO 3.0), 16 (MG 100) e 09 (HLT 5004). E no grupo VI, foi agrupado apenas o genótipo 10 (V20041). Diante dos dados, pode-se constatar que entre os 19 genótipos avaliados existe ampla divergência genética e que estes resultados são parcialmente

concordantes com os apresentados pelos Métodos de Otimização de Tocher e Hierárquico UPGMA.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética, segundo critério de Singh (1981) baseado na Distância Generalizada de *Mahalanobis* indicou que os caracteres AP (47,65%) e FL (21,33%), foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 19 genótipos de girassol (68,98%), enquanto que os caracteres Curvatura do caule (CC) e MF contribuíram com valores próximos, sendo 13,44% e 13,20%, respectivamente. Por outro lado, a característica DC mostrou-se pouco expressiva na discriminação da divergência genética (4,35%), o que pode estar relacionado com o fato da característica não apresentar variabilidade genética. Segundo Amorim et al. (2007) por meio das altas herdabilidades infere-se pela facilidade na seleção para os caracteres AP, FL, MF e CC.

Através dos resultados apresentados é possível identificar genótipos com características agrônômicas complementares e divergentes que podem ser utilizados em esquemas de hibridação e/ou seleção com o objetivo de incorporar as características favoráveis de cada parental em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens, a partir desses genótipos, disponibilizando nova variabilidade aos programas de melhoramento genético da cultura. Cruzamentos entre os genótipos HLT 5002 x EXP 1452; EXP 1450 x HLT 5004; EXP 1452 x SEM 822; EXP 1452 x ZENIT podem ser promissores para incremento de variabilidade genética. De acordo com Amorim e Souza (2005) a extração de linhagens a partir de variedades melhoradas e/ou híbridos simples comerciais é uma alternativa viável, no caso dos híbridos, ainda é possível contar com uma grande proporção de locos favoráveis já fixados.

## CONCLUSÕES

Os genótipos HLT 5002 e EXP 1452 foram os mais dissimilares, enquanto que os genótipos HELIO 358 e BRS-GIRA 26 comportaram-se como os mais similares. Para os caracteres altura de planta e florescimento, os mesmos contribuíram com cerca de 68% da divergência genética observada entre os 19 genótipos de girassol.

Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA foram eficientes e semelhantes na representação da distância morfológica entre os genótipos avaliados.

## REFERÊNCIAS

- AMORIM, E.P.; SOUZA, J.C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S<sub>0</sub> de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.561-567, 2005.
- AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007.
- BARELLI, M.A.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; NEVES, L.G.; SILVA, H.T. Genetic divergence in common bean landraces cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Semina**, Londrina, v.30, p.1061-1072, 2009.
- 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 Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.
- CASTIGLIONI, V.B.R.; CASTRO, C.; BALLA, A. Avaliação de genótipos de girassol em ensaio intermediário (1992/93), Londrina- PR. In: Reunião Nacional de Girassol, 10. Goiânia, **Anais...** v.10, p.37, 1993.
- CASTIGLIONI VBR, BALLAA, CASTRO C & SILVEIRA JM (1994) **Fases de desenvolvimento da planta de girassol**. Londrina: Embrapa-CNPSo. 24p. (Documentos, 58).
- COIMBRA, R.R.; AMÁBILE, R.F.; ARCHANGELO, E.R.; ALEMIDA, M.B.; MARTINS, E.C.A.; VALADARES, L.L.; BATISTA, A.P. Potencial produtivo e divergência genética de cultivares de girassol. **Revista Integralização Universitária**. Palmas, v.1, p.3-8, 2009.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585 p, 2003.
- Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária. **Informes da avaliação de genótipos de girassol, 2005/2006 e 2006**. Londrina, 2007. (Documentos, 285).
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetics divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F<sub>1</sub> hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, v.6, p. 453-460, 1983.
- MANJULA, K.; NADAF, H.L.; GIRIRAJ, K. Genetic diversity in non-oil seed sunflower (*Helianthus annuus* L.) genotypes. **Helia**, Nov Sad. v.24, n.34, p.2417-24, 2001.
- MESSETI, A.V.L.; PADOVANI, C.R. O uso da dispersão gráfica por variáveis canônicas com ênfase em melhoramento genético. Uberlandia, UFU, p.373-376, 2004.
- MILJANOVIC, T.; BOZA, P.; ATLAGIC, J.; SKORIC, D. Morphological variability of *H. giganteus* L. and *H. maximiliani* Sch. populations. **Helia**, v.23, p.45-52, 2000.

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. p.269-297, 2005.

PIRES, J.L.F.; SANTOS, H.P.S.; CARVALHO, C.G.P.; OLIVEIRA, A.C.B.; VIEIRA, O.V. Avaliação de genótipos de girassol na região do Planalto médio do Rio Grande do Sul na safra 2005\2006. 2007.

PORTO, W.S.; CARVALHO, C.G.P.; PINTO, R.J.B. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. Pesquisa Agropecuária Brasileira, **Brasília**, v.42, n.4, p.491-499, 2007.

RAO, G.M.; REDDY, L.; KULKARNI, R.S.; RAMESH, S.; REDDY, S.S.L. Prediction of heterosis based on genetic diversity of parents through regression analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, v.27, n.41, p.51-58, 2004.

RIGON, J.P.G.; CAPUANI, S. CHERUBIN, M.R.; ROSA, G.M.; WASTOWSKI, A.D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, v.42, n.11, p.1954-1959, 2012.

SILVA, J.A.G.; SCHWERTNER, D.V.; CARBONERA, R.; KRÜGUER, C.A.M.B.; CRESTANI, M.; GAVIRAGHI, F.; SCHIAVO, J.; ARENHARDT, E.G. Distância genética em genótipos de girassol. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.17, n.3-4, p.326-337, 2011.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and 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.38, p.73-80, 2003.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.1, p.22-27, 2005.

UNGARO, M.R.G. Recomendações técnicas para o cultivo do girassol. **Correio Agrícola**, São Paulo, v.2, p.14-19, 1981.

VIEIRA, O.V. Ponto de maturação ideal para colheita do girassol visando alta qualidade da semente. (Tese-Doutorado em concentração em Produção Vegetal). 2005.

VOGT, G.A.; BALBINOT JUNIOR, A.A.; SOUZA, A.M. Divergência fenotípica em genótipos de girassol. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v.11, n.1, p.27-34, 2012.

VOGT, G.A.; BALBINOT JÚNIOR, A.A.; SOUZA, A.M. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.11, n.4, p.307-315, 2010.