

## DISTÂNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE GIRASSOL

### GENETIC DISTANCE IN SUNFLOWERS GENOTYPES

José Antonio Gonzáles da Silva<sup>1\*</sup>; Diogo Vanderlei Schwertner<sup>1</sup>; Roberto Carbonera<sup>1</sup>;  
Cleusa adriane Menegassi Bianch Krüger<sup>1</sup>; Maraísa Crestani<sup>2</sup>; Fernando Gaviraghi<sup>1</sup>;  
Jordana Schiavo<sup>1</sup>; Emílio Ghisleni Arenhardt<sup>1</sup>.

#### RESUMO

Um estudo sobre a distância genética em 24 genótipos de girassol avaliando dezessete caracteres de interesse agrônomo foi conduzido no Instituto Regional de Desenvolvimento Rural (IRDeR/UNIJUI), Augusto-Pestana, Brasil. As análises univariada e multivariada revelaram a existência de diferenças para os caracteres avaliados entre os genótipos. Os caracteres dias da emergência a floração e dias da emergência a maturação contribuíram com a maior parte da variabilidade genética observada. É possível a seleção de genótipos superiores com caracteres agrônômicos complementares para o desenvolvimento de novas cultivares de girassol.

**Palavras-chave:** *Helianthus annuus* L., variabilidade genética, caracteres morfológicos, melhoramento genético.

#### ABSTRACT

A study about the genetic distance in twenty-four sunflower genotypes evaluating seventeen agronomical characters was conducted at the Instituto Regional de Desenvolvimento Rural (IRDeR/UNIJUI), Augusto Pestana, Brasil. The univariate and multivariate analyses revealed the presence of differences among the genotypes. The characters days from emergence to flowering and days from emergence to maturation exhibited high contribution to genetic variability. It is possible the selection of superior genotypes with further agronomical features for the development of new sunflower cultivars.

**Key words:** *Helianthus annuus* L., genetic variability, morphological characters, improvement genetic.

#### INTRODUÇÃO

O girassol (*Helianthus annuus* L.) originário do México (LENTZ et al., 2001) é uma espécie de múltiplos propósitos, com aproveitamento ornamental, medicinal, em rotação de culturas,

em adubação verde, na apicultura, na alimentação de animais, na produção de óleo para alimentação humana e na produção de biodiesel. No Brasil, a espécie é cultivada o ano todo em praticamente todas as regiões produtora de grãos em virtude da sua baixa sensibilidade fotoperiódica.

No melhoramento do girassol é imprescindível a existência de variabilidade genética, princípio básico para obtenção de ganho genético no desenvolvimento de novos híbridos ou variedades de polinização aberta. Na quantificação da variabilidade genética existente entre os genótipos de girassol, podem ser avaliados caracteres agrônômicos como os componentes do rendimento, morfológicos como o diâmetro de capítulo e curvatura, adaptativos como ciclo e estatura e, os relacionados ao desempenho fisiológico como o rendimento biológico e o índice de colheita (AMORIM et al., 2007).

A estimativa de distância genética entre genótipos pode fornecer informações valiosas a respeito da organização do germoplasma disponível, aumentar a eficiência de amostragem dos genótipos, auxilia na definição de cruzamentos artificiais, e até na recomendação do lançamento de linhagens e de cultivares para determinadas regiões, quando o objetivo é aumentar a base genética dos cultivares sob cultivo. Assim, se constitui numa ferramenta auxiliar em programas de melhoramento, e é um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003). Cabe ressaltar que os genótipos de girassol em cultivo no Brasil têm origem em programas de melhoramento que visam à seleção de genótipos com altos teores de óleo, porte baixo, resistência a fatores bióticos e abióticos, elevado rendimento de grãos e ciclo precoce (OLIVEIRA et al., 2005).

A identificação de genótipos de girassol de qualidade superior e com maior adaptação as condições edafoclimáticas do Rio Grande do Sul pode fornecer subsídios para o maior aproveitamento da espécie como opção para

<sup>1\*</sup> Departamento de Estudos Agrários da Universidade regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUI). E-mail: jagsfaem@yahoo.com.br.

<sup>2</sup> Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento), Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS.

incremento de renda na unidade de produção. Aliado a isto, é fundamental conhecer de forma detalhada a expressão de distintos caracteres da planta alvo de observação e seleção em ensaios de competição, representando informações valiosas aos programas de melhoramento para promoção de genótipos elite ou na indicação para composição de blocos de cruzamento.

Neste contexto, o objetivo do trabalho foi quantificar a variabilidade genética existente entre genótipos de girassol provenientes de diferentes programas de melhoramento, aliada a identificação dos caracteres agrônômicos que contribuem mais efetivamente na expressão desta variabilidade.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Instituto Regional de Desenvolvimento Rural (IRDeR) pertencente ao Departamento de Estudos Agrários (DEAg) da UNIJUÍ, localizado no município de Augusto Pestana-RS, durante os anos agrícolas de 2008 e 2009. O IRDeR está situado a 28°26' 30" de latitude Sul e 54°00' 58 " de longitude Oeste. Apresenta altitude de aproximadamente 298 metros e com precipitações pluviométricas de em torno de 1600 mm ano<sup>-1</sup>. O solo da área experimental pertence à unidade de mapeamento Santo Ângelo classificado como Latossolo Vermelho Distroférrico Típico, originário do basalto da formação da Serra Geral. Apresenta perfil profundo de coloração vermelha escura, boa drenagem, textura argilosa com predominância de argilominerais 1:1 e óxi-hidróxidos de ferro e alumínio.

Foram avaliados nestes dois anos de estudo, 24 genótipos de girassol do Ensaio Final de Primeiro Ano em delineamento experimental de blocos casualizados com 4 repetições. Os híbridos avaliados foram: M 734, AGROBEL 960, HELIO 358, NTO 3.0, SEM 840, AROMO 10, SAUCE 1, PARAISO 22, PARAISO 20, PARAISO 33, ALBISOL 2, ALBISOL 20 CL, HLE 14, HLT 5009, HLT 5013, EMBRAPA 01, HLT 5014, EXP 1450 HO, EXP 1452 CL, HLE 16, HLE 17, V 50070, V 70003 e V 20041.

Os genótipos foram semeados no mês de setembro em parcelas com 4 linhas de 6 m de comprimento, espaçadas de 0,8 m entre-linhas e 0,3 m entre plantas, visando compor uma população de 40 a 45 mil plantas por hectare. Na semeadura, foram colocadas três sementes por cova, com desbaste realizado 20 dias após a emergência, deixando 21 plantas na linha. A adubação de base foi de 200 kg ha<sup>-1</sup> de adubo químico de fórmula 5-20-20, e a adubação de cobertura com 100 kg ha<sup>-1</sup> de uréia com 30 dias após a emergência. Foi realizada uma aplicação foliar do micronutriente boro, a partir da fonte solúvel borato de sódio (20,5% de boro) também aos 30 dias após a emergência, na dose 1,5 kg

ha<sup>-1</sup> do produto comercial. O ataque de insetos foi controlado de acordo com sua infestação, tendo por base o inseticida registrado para a cultura de nome comercial Connect (beta-ciflurina + imidacloprido) na dose de 0,5 l ha<sup>-1</sup>. Os demais tratos culturais foram realizados seguindo as recomendações do MANUAL DE ADUBAÇÃO E CALAGEM PARA OS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E SANTA CATARINA (2004).

Em campo experimental foram avaliados os seguintes caracteres agrônômicos conforme descritos por SCHNEITER & MILLER (1981): 1. Dias da emergência a floração (DEF, em dias), anotado quando 50% das plantas na parcela se encontravam no estágio fenológico R<sub>4</sub> (primeiras flores liguladas abertas); 2. Dias da floração a maturação fisiológica (DFM, em dias) sendo considerado para maturação fisiológica o estágio fenológico R<sub>9</sub> (fase de maturação dos aquênios - brácteas com coloração entre amarelo e castanho); 3. Dias da emergência a maturação fisiológica (DEM, em dias); 4. Estatura de planta (EST, em cm), medida do solo até a inserção do capítulo, e; 5. Curvatura do capítulo (CC, em graus) avaliado em três plantas por parcela no momento da maturidade fisiológica.

As três plantas avaliadas por parcela a campo foram cortadas rente ao solo, no momento da maturidade fisiológica, e encaminhadas ao laboratório para compor a média das seguintes determinações: 6. Rendimento biológico por planta (RBP, em g planta<sup>-1</sup>), ou seja, a massa total de uma planta de girassol (palha+grãos). A partir desta determinação foi estimado o rendimento biológico na unidade de um hectare para compor o item 7, Rendimento biológico (RB, em kg ha<sup>-1</sup>). Foram avaliadas também: 8. Massa de capítulo (MC, em g capítulo<sup>-1</sup>), sendo a massa total do capítulo (grãos+palha); 9. Diâmetro total do capítulo (DTC, em cm); 10. Diâmetro infértil do capítulo (DIC, em cm), que corresponde à parte central dos capítulos com ausência de grãos ou de grãos irregulares; 11. Número de grãos por capítulo (NGC, por contagem); 12. Massa de grãos do capítulo (MGC, em g); 13. Índice de colheita da planta (ICP), pela relação entre rendimento de grãos (RG) e o rendimento biológico (RB); 14. Índice de colheita do capítulo (ICC), pela relação entre massa de grãos por capítulo (MGC) e massa do capítulo (MC); 15. Massa de mil grãos (MMG, em g), pela contagem de 200 grãos e correção para 1000 grãos; 16. Número de folhas na floração, anotado no estágio R<sub>4</sub> (NFF, por contagem) e; 17. Rendimento de grãos (RG, em kg ha<sup>-1</sup>), pela colheita de 20 capítulos por parcela e estimado na unidade de um hectare.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância univariada e ao agrupamento de médias por SCOTT & KNOTT (1974) considerando o efeito médio dos anos de avaliação (2008 e 2009). Com base nas médias geradas foi estimada a distância generalizada de

Mahalanobis ( $D^2$ ) entre todos os pares de genótipos, e o emprego do critério de SINGH (1981) na estimativa da magnitude de contribuição relativa das variáveis para a divergência genética total, empregado o programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Com base na matriz de distância genética: i) os genótipos foram agrupados pelo método de TOCHER por meio do programa Genes (CRUZ, 2001) e; ii) foi construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento de distância média (UPGMA), sendo que, o ajuste entre a matriz de distância e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ; SOKAL & ROHLF, 1962), por meio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas a 5% de probabilidade de erro para todos os caracteres avaliados, com valores de coeficiente de variação de reduzida à média magnitude (Tabela 1). Os valores mínimos e máximos de cada variável mostraram amplitude considerável de expressão, o que reforça a hipótese da existência de elevada variabilidade genética entre os genótipos avaliados para os caracteres aferidos. Cabe destacar, a elevada amplitude verificada para o caráter rendimento de grãos, de 622 a 2485 kg ha<sup>-1</sup>, com média aproximada de 1648 kg ha<sup>-1</sup> nestes dois anos de cultivo. Em estudo

conduzido por AMORIM et al. (2008) em Campinas/SP, região mais tradicional de cultivo de girassol, a produtividade variou entre 699 e 1642 kg.ha<sup>-1</sup>. CARVALHO & PISSAIA (2002) também observaram nesta mesma região expressivos valores de produtividade, com amplitude variando de 1875 a 2180 kg.ha<sup>-1</sup>.

As amplitudes observadas para os componentes diretos de rendimento nos genótipos testados apresentaram valores variando de 40,10 a 74,40 g para a MMG e 487 a 1534 no NGC, representando variáveis que influenciam decisivamente no desempenho final da cultura (Tabela 4). Amplitudes expressivas no ciclo também foram evidentes, variando de 107 a 120 dias, sugerindo existirem constituições genéticas precoces altamente vantajosas para as condições de cultivo no sul do Brasil. Contudo, a estimativa de rendimento biológico variou de 2278 a 6581 kg ha<sup>-1</sup>, destacando a forte capacidade desta espécie na produção simultânea de grãos e de matéria seca direcionada ao solo para aproveitamento de nutrientes para a cultura subsequente. Uma vez que o girassol é uma espécie que melhora a fertilidade do solo por apresentar elevada capacidade de ciclagem de nutrientes absorvidos em profundidade e uma reduzida taxa de exportação de nutrientes aos grãos. Em suma, uma produção de 2500 kg ha<sup>-1</sup> pode restituir ao solo aproximadamente 50 kg de nitrogênio, 25 kg de fósforo e 225 kg de potássio (CAVASIN, 2001).

Tabela 1. Resumo da análise de variância para caracteres de importância agrônômica em distintos genótipos de girassol. DEAg/UNIJUÍ, 2011.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio 2008/2009							
		RG (kg há <sup>-1</sup> )	MMG (g)	NGC (nº)	DTC (cm)	DIC (cm)	DEF (dias)	DFM (dias)	DEM (dias)
Bloco	3	137784	3,38	37584	6,20	0,34	3,1	26	11,3
Genótipo	23	478954*	126,1*	95051*	3,45*	1,42*	39*	21*	52,4*
Erro	69	48980	21,42	30496	1,56	0,38	2,8	5,34	2,01
Total	95								
CV (%)		13,42	8,90	20,22	9,24	18,34	2,58	4,55	1,24
Média		1648	52,03	863	13,50	3,38	64	50	115

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio 2008/2009								
		MC (g)	MGC (g)	RBP (g)	RB (kg ha <sup>-1</sup> )	ICP (RG/RB)	ICC (g)	EST (cm)	NFF (n)	CC (º)
Bloco	3	586	312	3353	1053446	0,021	0,002	234	28	136
Genótipo	23	796*	335*	3778*	1548028*	0,474*	0,014*	514*	22*	143*
Erro	69	271	152	1071	393978	0,009	0,004	28	6,24	32
Total	95									
CV %		18,88	24,4	17,52	16,08	21,56	11,7	3,22	8,68	7,04
Média		87	50	186	3901	0,44	0,58	166	28	81

Significativo a 5% de probabilidade de erro; RG= Rendimento de grãos; MMG= Massa de mil grãos; NGC= Número de grãos por capítulo; MC= Massa de capítulo; MGC= Massa de grãos do capítulo; RBP= Rendimento biológico por planta; RB= Rendimento biológico em kg ha<sup>-1</sup>; ICP= Índice de colheita por planta (RG/RB); ICC= Índice de colheita por capítulo (MGC/MC); DTC= Diâmetro total do capítulo; DIC= Diâmetro infértil do capítulo; DEF= Dias da emergência a floração; DFM= Dias da floração a maturação; DEM= Dias da emergência a maturação; EST= Estatura; NFF= Número de folhas na floração; CC= Curvatura do capítulo.

O teste de agrupamento de médias revelou que os caracteres RG (4 classes), MMG (4 classes), DEM (4 classes) e EST (5 classes) foram os que apresentaram o maior número de classes fenotípicas, expressando a maior variabilidade entre as constituições genéticas avaliadas (Tabelas 2 e 3). Por outro lado, as variáveis NGC, DTC, DIC, DFM, MC, RB, ICC e NFF constituíram apenas 2 classes. Em estudo conduzido por AMORIM et al. (2008), onde foram avaliados quinze genótipos de girassol, os caracteres de maior variabilidade foram o RG (3 classes), dias da emergência ao início da floração (4 classes), dias da emergência a 50% da floração (5 classes) e número de folhas (3 classes). Por outro lado, os mesmos autores destacaram os caracteres EST, MMG, CC, altura de inserção de capítulo e diâmetro de haste apresentaram apenas duas classes fenotípicas.

Quanto ao caráter RG se destacaram os genótipos Paraíso 22, HLE 17, SAUCE 1 e PARAISO 20 que expressaram valores médios em torno de 2000 kg ha<sup>-1</sup> para a produção de grãos (a), superando os genótipos padrões (HELIO 358 e AGROBEL 958) de comportamento inferior (b) (Tabela2). Cabe ressaltar que o genótipo PARAISO 22 expressou valores médios superiores para grande número de variáveis no que se refere ao NGC, DTC, DEM, MC, MGC, RBP e ICC, porém, com reduzido desempenho no componente direto de produção MMG (Tabela

2 e 3). Por sua vez, o genótipo HLE 17 de desempenho superior em rendimento de grãos, evidenciou elevado valor médio para a MMG, o que permite sugerir que a combinação de linhagens provenientes destas constituições genéticas possa alavancar a heterose, pela complementaridade destes genes de forte interesse. Quanto ao caráter DTC apenas dois genótipos mostraram comportamento superior (a), destacando a PARAISO 22 e V70003 como de referência na expressão (Tabela 2). Vários autores têm destacado que o incremento no DTC tende a maximizar a produção em girassol pelo aumento do número de grãos por capítulo (LONG et al., 2001; AMORIM, et al., 2008; BRAZ & ROSSETTO, 2009), desde que não expresse considerável formação de grãos estéreis ou irregulares na posição central da inflorescência, além do que, capítulos de tamanho elevado podem proporcionar em maior desuniformidade de maturação dos grãos. SILVA, et al. (2009), estudando o desempenho de híbridos de girassol observou distintas variações nos componentes de produção, identificando que o espaçamento entre linhas na faixa de 40 cm resultou em maior rendimento de aquênios e número de aquênios por capítulo sem comprometer o diâmetro total. Portanto, o aumento do espaçamento entre linhas para favorecer incremento do diâmetro, muitas vezes não é justificado, principalmente quando não se considera a eficiência de partição

de fotoassimilados direcionados aos componentes de produção para favorecer o número e enchimento de grãos. Fato pode ser comprovado pelos expressivos valores médios do

genótipo V70003 para todos os caracteres diretos de produção e também do DTC, porém, com valores reduzidos no RG (Tabela 2), caracterizado pelo baixo desempenho fisiológico visualizado pelo ICP (Tabela 3)

Tabela 2. Valores médios dos caracteres diretos de produção e daqueles relacionados ao capítulo em genótipos de girassol. DEAg/UNIJUÍ, 2011.

Médias seguidas de mesma letra não diferem significativamente entre si a 5% de probabilidade de erro

Genótipos	Valores médios 2008/2009							
	RG (Kg ha <sup>-1</sup> )	MMG (g)	NGC (n)	DTC (cm)	DIC (cm)	MC (g)	MGC (g)	ICC (MGC/MC)
PARAISO22	2295a	46,6d	1314a	16,2 <sup>a</sup>	2,2b	125a	79a	0,63a
HLE17	2140a	62,0a	837b	13,1b	2,2b	84b	57b	0,67a
SAUCE1	2105a	49,4c	980a	13,0b	3,6a	87b	58b	0,66a
PARAISO20	1928a	41,6d	913b	13,7b	2,8b	85b	48c	0,57a
AROMO10	1853b	53,4b	1083a	13,7b	3,5a	87b	55b	0,63a
HLE14	1849b	63,9 <sup>a</sup>	776b	12,8b	3,1b	78b	47c	0,60a
M734(T)	1806b	58,4 <sup>a</sup>	814b	13,0b	2,7b	85b	55b	0,63a
HELIO 358(T)	1766b	51,1c	936b	13,2b	4,5a	84b	50c	0,61a
EXP 1452CL	1764b	53,1b	865b	13,0b	3,7a	81b	46c	0,56a
V50070	1747b	50,8c	824b	12,9b	3,8a	85b	49c	0,58a
ALBISOL20CL	1730b	48,5c	648b	11,8b	2,8b	59b	38c	0,66a
HLT5014	1705b	51,9c	1029a	14,2b	3,0b	94b	55b	0,59a
AGROBEL960(T)	1671b	49,1c	770b	12,8b	4,0a	75b	43c	0,58a
EMBRAPA01	1592b	55,2b	695b	13,7b	3,1b	81b	46c	0,56a
HLE16	1592b	55,2b	855b	13,5b	3,7a	85b	55b	0,65a
HLT5009	1563b	45,4d	902b	13,5b	3,1b	83b	46c	0,56a
V20041	1557b	49,7c	842b	12,6b	3,0b	79b	41c	0,52b
HLT5013	1541b	56,2b	743b	13,2b	3,7a	84b	48c	0,59a
ALBISOL2	1492b	50,8c	741b	13,3b	3,4a	84b	42c	0,50b
EXP1450HO	1492b	44,0d	882b	13,4b	3,7a	93b	46c	0,49b
SRM840	1470b	45,2d	720b	12,8b	4,0a	82b	39c	0,48b
PARAISO33	1233c	50,5c	802b	13,8b	3,7a	87b	51c	0,57a
V70003	914d	58,8a	1087a	15,7 <sup>a</sup>	4,1a	129a	66a	0,51b
NTO 3.0	739d	57,0b	652b	14,2b	2,6b	84b	39c	0,46b

pelo teste de Scott e Knott; (T) = Testemunha; RG=Rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); MMG=Massa de mil grãos (g); NGC=Número de grãos por capítulo (n); MC=Massa de capítulo (g); MGC=Massa de grãos capítulo (g); ICC= Índice de colheita do capítulo (MGC/MC); DTC= Diâmetro do capítulo (cm); DIC= Diâmetro infértil do capítulo (cm).

O índice de colheita (IC) é o quociente entre o rendimento econômico (grãos) e o rendimento biológico (grão+palha) e representa a eficiência com que os fotoassimilados são convertidos em rendimento econômico. A faixa adequada para o IC em girassol segundo MERRIEN (1992) está entre 0,25 a 0,35, contudo, foram observados para a maioria dos genótipos avaliados ICP superiores a 0,35, mostrando a pressão de seleção que vem sendo estabelecida na espécie no sentido de incrementar a eficiência de produção de grãos num menor espaço de tempo (Tabela 3).

No caráter DIC, que representa os aquênios inférteis da porção central do capítulo, evidenciou, de modo geral, uma expressão similar entre os genótipos, com apenas duas classes formadas (Tabela 2). É importante destacar, que as variações de sua expressão têm fortes relações com ambiente e de maior e menor estabilidade por ordem do padrão genotípico de cada cultivar, aliado aos efeitos de interação genótipo versus ambiente, além do que, a tendência natural de acumulação de fotoassimilados no direcionamento da

fotossíntese para os grãos nesta espécie ocorre das extremidades para o centro da inflorescência. Portanto, é comum ocorrer falhas no enchimento, ou mesmo ausência de aquênios na posição central do capítulo do girassol, atribuído principalmente pela maior demanda de fotoassimilados dos aquênios oriundos das primeiras flores polinizadas da extremidade do capítulo (CASTRO & FARIAS, 2005).

Na avaliação dos caracteres adaptativos, a maioria dos genótipos testados mostrou maior variação no DEF que no DFM, indicando que o ciclo vegetativo é determinante em promover acréscimos ou redução no ciclo total desta espécie, além do que, os genótipos que apresentaram maior período vegetativo foram os que também apresentaram o maior ciclo total. Para BOROJEVIC (1986) o prolongamento do ciclo vegetativo em várias espécies tende a aumentar a produção de biomassa total, enquanto que, o aumento do período de formação dos grãos traria como consequência, em promover acréscimos mais pronunciados no seu enchimento, o que parece também estar associado ao girassol.

Tabela 3. Valores médios de caracteres relacionados ao desempenho fisiológico, adaptativo e morfológico em genótipos de girassol. DEAg/UNIJUÍ, 2011.

Genótipos	Valores médios 2008/2009								
	RBP (g)	RB (kg ha <sup>-1</sup> )	ICP (RG/RB)	EST (cm)	NFF (n)	CC (°)	DEF (dias)	DEM (dias)	DFM (dias)
PARAISO22	274a	5747a	0,40b	171b	25b	79b	65a	117a	52a
HLE17	158c	3800b	0,56a	157c	30 <sup>a</sup>	78b	60c	113c	53a
SAUCE1	186c	3891b	0,56a	176a	25b	74c	65a	116b	51a
PARAISO20	180c	3770b	0,52a	176a	27b	76b	66a	117b	50a
AROMO10	174c	3629b	0,51a	151d	28b	88a	67a	116b	48b
HLE14	162c	3387b	0,54a	169b	26b	74c	59c	112c	53a
M734(T)	180c	3751b	0,48a	157c	31 <sup>a</sup>	86a	67a	116b	49b
HELIO358(T)	157c	3272b	0,55a	143e	27b	85a	61c	109d	48b
EXP1452CL	178c	3712b	0,49a	160c	27b	71c	67a	118a	50a
V50070	179c	3745b	0,47a	178a	29b	78b	63b	117a	54a
ALBISOL20CL	170c	3546b	0,50a	173b	28b	85a	65a	116b	50a
HLT5014	180c	3759b	0,46a	166b	32 <sup>a</sup>	89a	67a	114b	47b
AGROBEL960(T)	143c	2993b	0,56a	154c	27b	84a	60c	107d	47b
EMBRAPA01	170c	3543b	0,46a	185a	34 <sup>a</sup>	80b	58c	109d	50a
HLE16	179c	3747b	0,45a	164b	28b	89a	62b	113c	51a
HLT5009	167c	3486b	0,45a	161c	28b	88a	66a	114c	47b
V20041	217b	4270b	0,37b	174b	28b	80b	67a	119a	52a
HLT5013	154c	3225b	0,50a	144e	25b	88a	61c	109d	48b
ALBISOL2	207b	4315b	0,35b	177a	30 <sup>a</sup>	82a	67a	119a	52a
EXP1450HO	223b	4649a	0,34b	171b	28b	68c	66a	119a	53a
SRM840	186c	3880b	0,39b	171b	26b	83a	57a	118a	51a
PARAISO33	198c	4142b	0,31b	160c	29b	79b	66a	117a	51a
V70003	254a	5295a	0,18c	173b	28b	72c	63b	118a	55a
NTO 3.0	195c	4077b	0,19c	180a	32 <sup>a</sup>	82b	69a	118a	48a

\* médias seguidas de mesma letra não diferem significativamente entre si a 5% de probabilidade de erro pelo teste de Scott e Knott; (T) = Testemuha; RBP= Rendimento biológico da planta (g); RB= Rendimento biológico (kg ha<sup>-1</sup>); ICP= Índice de colheita (RG/RB); DEF= Dias da emergência a floração (dias); DFM= Dias da floração a maturação (dias); DEM= Dias da emergência a maturação (dias); EST= Estatura (cm); NFF= Número de folhas na floração (n); CC= Curvatura do capítulo em graus (°).

Para os caracteres MC e MGC os genótipos de distintos desempenhos no RG como PARAISO 22 (a) e V70003 (d), mostraram os maiores valores médios nestas duas variáveis. Assim, levanta a hipótese de não representarem caracteres fortemente ligados à produção final nestes genótipos, e, que outros fatores são mais importantes em definir o rendimento de grãos,

incluindo os efeitos cumulativos de várias variáveis para constituir desempenho total (Tabela 2). Já, os parâmetros EST e NFF apresentaram reduzida variabilidade de expressão, porém, é importante destacar que estas variáveis são de grande importância na morfologia do girassol, dando suporte a produção de biomassa e ajuste do índice de área foliar

(Tabela 3). Para BANGE et. al. (1996), o índice de área foliar (IAF) em girassol na antese variou entre 2,4 e 7,2 e foi dependente da aplicação de N e da época de semeadura. Em geral, alto IAF está associado à intensa acumulação de biomassa e produção de grãos; no entanto, condições de baixos níveis de radiação e temperatura do ar durante o enchimento de grãos resultam em menor quantidade de fitomassa total, apesar do alto IAF. Um IAF entre 2,5 e 3,0, obtido durante o florescimento, é suficiente para assegurar boa produtividade; entretanto, é essencial manter a atividade fotossintética da superfície foliar após o florescimento, uma vez que o enchimento de grãos caracteriza-se por ser um período de forte competição entre os fotoassimilados, podendo ocorrer abortamento de aquênios. Em trabalho realizado por MASSIGNAM & ANGELOCCI (1993) com a cultura do girassol, a temperatura do ar foi a variável estudada que mais explicou a duração do subperíodo emergência-floração. AMORIM et al (2008) identificou que o número de folhas e a estatura de plantas foram os caracteres morfológicos que mais influenciaram na indução ao florescimento, mostrando relações positivas e de elevada magnitude entre a variável 50% da floração com o número de folhas e estatura de plantas nesta espécie.

Para o caráter CC se destacaram os genótipos AROMO 10, M 734 (T), HELIO 358 (T), ALBISOL 20 CL, AGROBEL 960 (T), HLT 5009, HLT 5013, ALBISOL 2 e SRM 840 que apresentaram maior curvatura de capítulo, tendendo a parte frontal da inflorescência mais efetivamente voltada à superfície do solo, o que

representa um caráter de grande interesse, por outro lado, nenhum destes genótipos apresentou destaque em relação à produção de grãos (Tabelas 2 e 3). Em programas de melhoramento de girassol a seleção quanto à curvatura do capítulo mais voltada para o solo tem por base dificultar o ataque de pássaros, facilitar a colheita e não expor a inflorescência diretamente ao sol. Neste contexto, os capítulos de forma plana e de menor espessura são os mais desejáveis, pois apresentam melhor distribuição dos tecidos vasculares e de contato com os grãos, além de facilitar a perda de água após a maturação fisiológica e proporcionar sua maior curvatura (BORÉM & MIRANDA, 2005).

O método de grupamento de TOCHER possibilitou a distribuição dos 24 genótipos de girassol avaliados em cinco grupos distintos (Tabela 4). Com base nisto, e de acordo com o que preconiza este método, os genótipos foram arranjados com base na avaliação simultânea de todos os caracteres, de modo que exista uma maior homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos formados. O grupo I de TOCHER reuniu o maior número de genótipos possíveis (V 20041, ALBISOL 2, SEM 840, EXP 1450 HO, PARAISO 33, HLT 5009, V 50070, ALBISOL 20 CL, M 734 (T), EXP 1452 CL, HLT 5014, AROMO 10, HLE 16, PARAISO 20, PARAISO 22 e SAUCE 1). Neste, encontram-se os genótipos PARAISO 20, PARAISO 22 e SAUCE 1, é importante destacar que representam aqueles que no desempenho "per se" para o rendimento de grãos, mostraram os maiores valores médios dentre os quatro que mais contribuíram para o caráter (Tabela 2).



Tabela 4. Método de Agrupamento por TOCHER e valores máximos, médios e mínimos de caracteres do girassol, com estimativa da importância relativa para a diversidade genética total (s.j), segundo critério de Singh (1981). DEAg/UNIJUÍ, 2011.

GRUPOS		AGRUPAMENTO DE TOCHER				
	V 20041	ALBISOL 2	SEM 840	EXP 1450 HO	PARAISO 33	
I	HLT 5009	V 50070	ALBISOL 20 CL	M734 (T)	EXP 1452 CL	
	HLT 5014	AROMO 10	HLE 16	PARAISO 22		
	PARAISO 20	SAUCE 1				
II	AGROBEL 960 (T)	HELIO 358 (T)	HLT 5013	HLE 14	HLE 17	
III	EMBRAPA 01					
IV	V 70003					
V	NTO 3.0					

VARIÁVEL	VALOR			s.j	Valor s.j (%)
	Mínimo	Máximo	Média		
RG	622,23	2485,04	1648,25	2588,33	0,11
MMG	40,10	74,70	52,03	1128,01	0,04
NGC	487,00	1534,67	863,49	744,84	0,03
MC	46,89	156,98	87,18	337,02	0,01
MGC	26,07	96,41	50,42	66,83	0,01
RBP	109,39	346,99	186,75	284,65	0,01
RB	2278,89	6581,74	3901,79	859,85	0,04
ICP	0,13	0,69	0,44	847,21	0,04
ICC	0,38	0,83	0,58	596,31	0,02
DTC	10,00	17,17	13,50	91,37	0,01
DIC	1,00	5,33	3,38	764,87	0,03
DEF	57,00	71,00	64,69	1132735,05	49,54
DFM	44,00	58,00	50,71	26451,82	1,16
DEM	107,00	120,00	115,41	1114004,75	48,72
EST	138,00	192,00	166,69	3625,71	0,16
NFF	22,00	40,00	28,76	887,50	0,04
CC	90,00	53,00	81,14	586,07	0,03

RG= Rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); MMG= Massa de mil grãos (g); NGC= Número de grãos por capítulo; MC= Massa de capítulo (g); MGC= Massa de grãos do capítulo (g); RBP= Rendimento biológico por planta (g); RB= Rendimento biológico (kg ha<sup>-1</sup>); ICP= Índice de colheita por planta (RG/RB); ICC= Índice de colheita por capítulo (MGC/MC); DTC= Diâmetro total do capítulo (cm); DIC= Diâmetro infértil do capítulo (cm); DEF= Dias da emergência a floração (dias); DFM= Dias da floração a maturação (dias); DEM= Dias da emergência a maturação (dias); EST= Estatura (cm); NFF= Número de folhas na floração (n); CC= Curvatura do capítulo (°); s.j= contribuição da variável x para o valor d a distância de mahalanobis entre os genótipos i e i'.

No grupo II, foram reunidos os genótipos AGROBEL 960 (T), HELIO 358 (T), HLT 5013, HLE 14 e HLE 17. Dentre estes genótipos, dois são os padrões (T) e o HLE 14 e HLE 17 como aqueles de desempenho superior para o caráter MMG (Tabela 2), principalmente destacando o HLE 17, que evidenciou de forma simultânea desempenho médio superior “a” para o RG e MMG. De modo geral, estes resultados indicam a possibilidade de utilização destes genótipos nos cruzamentos artificiais com os do grupo I que evidenciaram também destaque, proporcionando a combinação de alelos favoráveis dos genitores na formação de populações ou de novas linhagens para exploração do vigor híbrido. Segundo CARVALHO et al. (2001), a possibilidade de seleção de genótipos transgressivos devido ocorrência de heterose e da ação de genes complementares pode ser fortalecida, pois, constituições genéticas de elevada expressão num caráter, porém, distantes geneticamente tendem a apresentar locos distintos controlando o caráter. Já, nos demais grupos formados, cabe destacar o genótipo EMBRAPA 01, que representa a única constituição genética a compor o grupo III, assim como, os genótipos V 7003 e NTO 3.0, que de forma unitária, constituíram os grupos IV e V, respectivamente, segundo o critério de TOCHER.

Na análise da contribuição dos caracteres para a variabilidade genética total (s.j), foi constatado que o DEF, DEM e DFM foram às variáveis mais expressivas na discriminação entre os genótipos testados, dando suporte à inferência de que, mesmo sendo caracteres que tendem a apresentar menor número de genes na expressão do caráter, indicaram forte magnitude de variação (Tabela 4). Fato curioso é que para esta espécie é distinta a pressão de seleção dos híbridos frente ao ciclo em programas de melhoramento brasileiro e argentino, de tal forma que, programas de melhoramento brasileiro selecionam genótipos precoces e os argentinos dão destaque aos genótipos de ciclo médio a tardio (ROMANO & VAZQUEZ, 2003). Em girassol, estudos realizados por AMORIM et al. (2007) mostraram que os caracteres que apresentaram maior contribuição para a variabilidade genética total foram DEF, 50% da floração, número de folhas e altura de inserção do capítulo.

O dendrograma revelou a formação de cinco grandes grupos, com distribuição similar ao obtido no método de Tocher, exceto para o genótipo HLE 16, que no de TOCHER fez parte do grande grupo de genótipos formados (grupo I) e no dendrograma representou o segundo maior grupo (Figura 1).

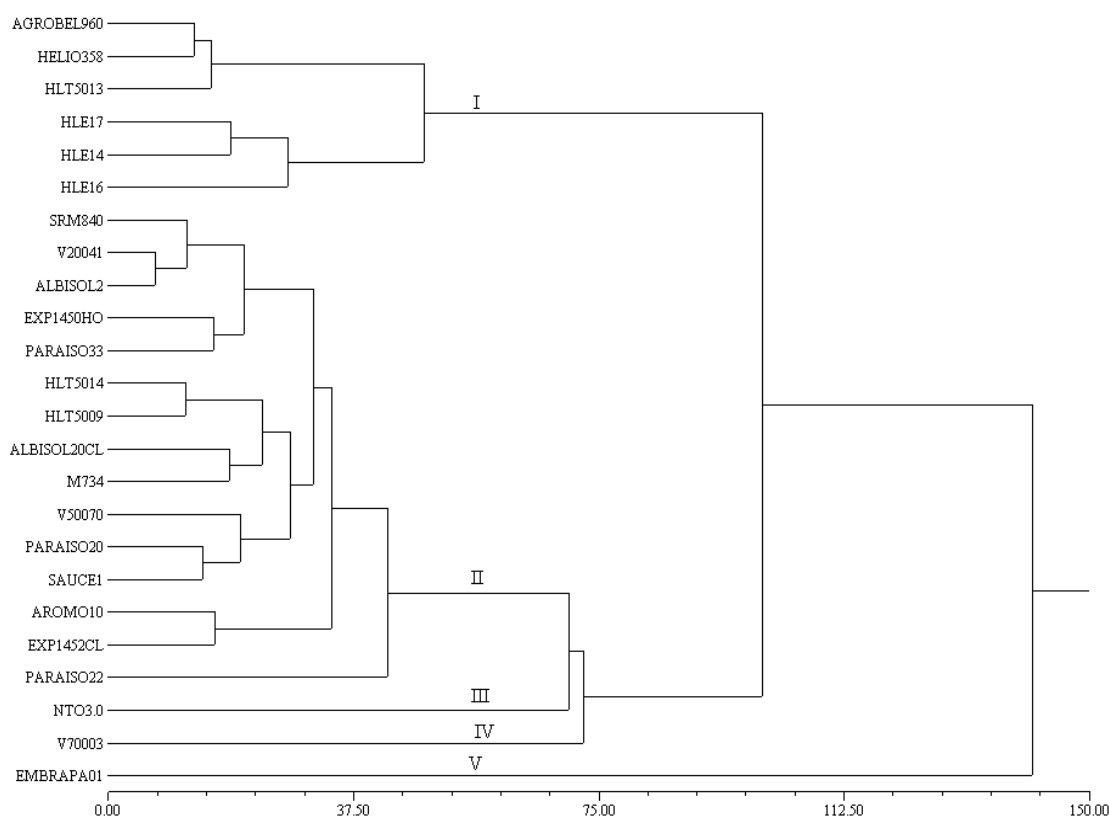


Figura 1. Dendrograma de distância genética por Mahalanobis resultante da análise de agrupamento UPGMA em 17 caracteres de girassol. O valor de correlação cofenético foi de 0,87. DEAg/UNIJUÍ, 2011.

As combinações que envolvam constituições genéticas entre grupos formados (Figura 1) e de elevado desempenho *per se* nos caracteres de interesse (Tabelas 2 e 3) representam cruzamentos promissores na obtenção de plantas de desempenho superior. Segundo AMORIM & SOUZA (2005) a obtenção de linhagens a partir de variedades ou híbridos comerciais se constitui como uma alternativa viável, pois representam genótipos já melhorados e testados em vários ambientes de cultivo. Considerando híbridos, ainda é possível contar com uma grande proporção de locos distintos já fixados, facilitando a seleção e recombinação de alelos favoráveis. Para a figura 1, a análise do coeficiente de correlação cofenético foi de 0,87, revelando um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias no dendrograma e a sua matriz original (RHOLF, 2000), assegurando inferências seguras por meio da análise visual da figura apresentada, inclusive, com observações similares aos já discutidos pelo método de TOCHER. Contudo, a elevada concordância entre as técnicas de TOCHER (Tabela 4) e UPGMA (Figura 1) na discriminação dos genótipos mais divergentes, forneceu subsídios para a mensuração da distância genética dos genótipos de girassol.

## CONCLUSÕES

Os caracteres dias da emergência a floração e dias da emergência a maturação contribuíram com a maior parte da variabilidade genética observada. É possível a seleção de genótipos superiores com caracteres agronômicos complementares para o desenvolvimento de novas cultivares de girassol.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, E. P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIHIL, T.A.M. Correlações e análise de trilha em girassol. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 2, p. 307-316, 2008.

AMORIM, E. P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIHIL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações  $S_0$  de híbridos simples. **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.561-567, 2005.

BANGE, M.; HAMMER, G.; RICKERT, K. Physiological determinants of potential yield of sunflower. In: **INTERNATIONAL SUNFLOWER CONFERENCE**, 14., 1996. Beijing/Shenyang.

*Proceedings...* Beijing: Lyaoning Academy of Agricultural Sciences, 1996. v.1, p.570-575.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005, 525 p.  
BOROJEVIC, S. **Breeding for yield in cereals**. Novi Sadi: University of Novi Sad. Faculty of Agriculture, 1986. 125p.

BRAZ, M.R.S.; ROSSETTO, C.A.V. Crescimento de plantas de girassol em função do vigor de aquênios e da densidade de semeadura. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.7, p.1989-1996, 2009.

CARVALHO, D. B. de; PISSAIA, A. Cobertura nitrogenada em girassol sob plantio direto na palha: I - rendimento de grãos e seus componentes, índice de colheita e teor de óleo. **Scientia Agraria**, Piracicaba, v. 3, n. 1-2, p. 41-45, 2002.

CARVALHO, F.I.F.; SILVA, S.A.S.; KUREK, A.J.; MARCHIORO, V.S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel, 2001, 99p.

CASTRO, C.; FARIAS, J. R. B. Ecofisiologia do girassol. In: LEITE, R. M. V. B. C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. (Ed.). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. p. 163-218.

CAVASIN JR, Carlos Paulo. **A cultura do girassol**. Guaíba: Agropecuária, 2001, 69 p.

CRUZ, C. D. Programa GENES: **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.

LENTZ, D.L.; POHL, M.E.D.; POPE, K.O.; WYATT, A.R. Prehistoric sunflower (*Helianthus annuus* L.) domestication in Mexico. **Economic Botany**, New York, v. 55, n. 3, p. 370-376, 2001.

LONG, M.; FEIL, B.; DIEPENBROCK, W. Effects of plant density, row spacing and row orientation on yield and achene quality in rainfed sunflower. **Acta Agronomica**, Hungarica, Budapest, v.49, n.4, p. 397-407, 2001.

MANUAL DE ADUBAÇÃO E CALAGEM PARA OS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E SANTA CATARINA. Sociedade brasileira de ciência do solo. Comissão de química e fertilidade do solo. 10ª Ed. Porto Alegre, 2004.

MASSIGNAM, A. M.; ANGELOCCI, L. R. Relações entre a temperatura do ar, disponibilidade hídrica no solo, fotoperíodo e duração de subperíodos fenológicos do girassol. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, Santa Maria, v. 1, n. 1, p. 63-69, 1993.

MERRIEN, A. **Physiologie du torsesol**. Paris: CETION, 1992. 66 p.

- MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v.43, n.4, p.1235-1248, 2003.
- OLIVEIRA, M. F. et al. Melhoramento do girassol. In: LEITE, R. M. V. B. et al. **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. p. 269-297.
- RHOLF, F.J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. New York: Exeter Software, 2000. 83p.
- ROMANO, A. B.; VÁZQUEZ, A. N. Origino f the argentine sunflower varietis. **Helia**, Novi Sad, v. 26, n. 38, p. 127-136, 2003.
- SCHNEITER, A. A.; MILLER, J. F. Description of sunflower growth stages. **Crop sciencie**, Madison, v. 21, p. 901-903, 1981.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analyses method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, p. 507-512, 1974.
- SILVA, A.G. da; PIRES, R.; MORÃES, E.B. de; OLIVEIRA, A.C.B. de; CARVALHO, C.G.P. de. Desempenho de híbridos de girassol em espaçamentos reduzidos. **Semina**, Londrina. V.30, n.1, p.31-38, 2009.
- SINGH, D. The relative importance of characteres affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n.1 (1981).
- SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods, **Taxon**, v.11, n.2, p.33-40, 1962.