

ANÁLISE DE AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE GIRASSOL CULTIVADOS EM CONDIÇÃO DE POLINIZAÇÃO LIVRE E RESTRINGIDA

Emerson Dechechi Chambó^{1*}; Arlindo Fabrício Corrêia²; Fernando Da Cunha³; Regina Conceição Garcia⁴; Newton Tavares Escocard De Oliveira⁴; Edmar Soares De Vasconcelos⁴; Nardel Luiz Soares Da Silva⁴

SAP 4-PV Data envio: 14/08/2014 Data do aceite: 02/10/2014
Scientia Agraria Paranaensis – SAP; ISSN: 1983-1471
Marechal Cândido Rondon, v. 13, n. suplemento, dez., p. 323-328, 2014

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi obter a divergência genética de oito genótipos de girassol pelo método de agrupamento UPGMA usando a distância generalizada de Mahalanobis. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados completos em esquema de parcelas subdivididas, com quatro repetições. Para tanto, fez-se uso de sete caracteres agronômicos relacionados à produção, sendo também determinada a importância relativa de caracteres na discriminação da variação fenotípica. Essas determinações foram realizadas em condição de polinização livre e de polinização restringida. Os caracteres analisados foram: massa de capítulo, massa de 1000 aquênios, número de aquênios por inflorescência, vigor, germinação, teor de óleo e rendimento de grãos. A dissimilaridade genética foi estimada pelo método de agrupamento UPGMA usando a distância genética de Mahalanobis, enquanto a contribuição relativa de cada caractere fenotípico para a divergência foi avaliada pelo método de Singh. Em ambos os testes constatou-se variabilidade genética entre os oito genótipos de girassol para os sete caracteres agronômicos avaliados. Houve diferença entre os principais caracteres que contribuíram para explicar a dissimilaridade genética entre os genótipos de girassol em condição de polinização livre e restringidos aos polinizadores. Agrupamentos divergentes foram encontrados entre os genótipos quando cultivados em condição de polinização livre e restringidos aos polinizadores.

Palavras-chave: análise multivariada, *Apis mellifera*, D^2 análises, importância de caracteres, melhoramento genético.

Cluster analysis of sunflower genotypes grown in conditions of free and restricted pollination

ABSTRACT - The objective of this research was to obtain the genetic divergence among eight sunflower genotypes by UPGMA clustering method using the Mahalanobis distance. Seven agronomic traits related to production were evaluated, and also determined the relative importance of characters in the discrimination of phenotypic variation. These measurements were performed on condition of free pollination and restricted pollination. The experimental design was a completely randomized block with four replications. The characters analyzed were: mass of capitulum, mass of 1000 achenes, number of achenes per inflorescence, vigor, germination, oil content and grain yield. The genetic divergence was estimated by UPGMA clustering method using genetic Mahalanobis distance, while the relative contribution of each character to the phenotypic divergence was assessed by the method of Singh. In both tests, we verified a significant variability among eight sunflower genotypes for seven agronomic traits evaluated. It was verified difference among the main characters that contributed to explain the genetic dissimilarity among genotypes of sunflower in conditions of free pollination and restricted to pollinators. Divergent groupings were found among genotypes when grown in conditions of free pollination and restricted to pollinators.

Key words: multivariate techniques, *Apis mellifera*, D^2 analysis, importance characters, genetic breeding.

¹ Pós-doutorando em Desenvolvimento Rural Sustentável, Universidade Estadual do Oeste do Paraná - UNIOESTE, Rua Pernambuco 1777, CEP 85960-000, Mal. Cândido Rondon, PR, Brasil. E-mail: emersonchambo@hotmail.com. *Autor para correspondência

² Doutorando em Agronomia pela UNIOESTE, Mal. Cândido Rondon, PR

³ Mestrando em Zootecnia pela UNIOESTE, Mal. Cândido Rondon, PR

⁴ Prof. Dr., Centro de Ciências Agrárias, UNIOESTE, Mal. Cândido Rondon, PR

INTRODUÇÃO

O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma planta pertencente à família Asteraceae (ordem Asterales), subfamília Asteroideae e tribo Heliantheae (JOLY, 2002). A cultura do girassol apresenta características agrônomicas desejáveis e tem sido uma boa opção aos produtores brasileiros (SILVA et al., 2007). Suas sementes têm sido utilizadas para fabricação de ração animal e extração de óleo de alta qualidade para consumo humano ou como matéria-prima para produção de biodiesel. Além disso, o girassol é uma planta melífera e ornamental (PORTO et al., 2007). Por ser uma planta alógama, que necessita de polinização cruzada, a presença de insetos polinizadores é imprescindível para produção de grãos (CHAMBÓ et al., 2011).

Segundo Vogt et al. (2010), a estimativa de proximidade genética entre materiais pode ser explicada por meio de análises estatísticas que envolvem estimativas de distâncias entre pares de genótipos que são apresentados por meio de uma matriz simétrica, conduzindo em posterior agrupamento dos dados.

Cruz e Regazzi (2001) destacaram a importância da ciência para a genética, relatando a utilização de técnicas biométricas na avaliação da divergência genética entre grupos de progenitores, principalmente as que se baseiam na distinção de diferenças morfológicas e fisiológicas. Entre outras abordagens descrevem como medida de constatação de dissimilaridade a aplicação de métodos aglomerativos (CRUZ, 2005). Contudo, a distância generalizada de Mahalanobis pode ser aplicada na análise de agrupamento e tem por finalidade identificar a proximidade de genótipos e organizar em grupos com base em critérios que englobam a similaridade ou seu oposto (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O objetivo deste trabalho foi obter a divergência genética de oito genótipos de girassol e em duas condições de polinização, livre e restringida, pelo método de agrupamento UPGMA usando a distância generalizada de Mahalanobis. Para tanto, fez-se uso de sete caracteres agrônomicos relacionados a produção, sendo também determinada a importância relativa de caracteres na discriminação da variação fenotípica, essas determinações foram realizadas em condição de polinização livre e de polinização restringida.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram instalados em área de Latossolo Vermelho Eutroférico, na Estação Experimental da Cooperativa Agroindustrial Copagrill, situada a 24°33'40"S e 54°04'00"W, com altitude de 420 m acima do nível do mar, no período de outubro de 2008 a março de 2009, no município de Marechal Cândido Rondon, Paraná, Brasil.

A área experimental possuía uma dimensão de 48 m de comprimento, 26,6 m de largura e 1276 m² de área efetiva semeada. Foi empregado o sistema de plantio

direto, sendo a cultura antecessora o milho. Na adubação de base, foram utilizados 425 kg ha⁻¹ do formulado 10-20-20 (NPK).

O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados completos em esquema de parcelas subdivididas, com quatro repetições. As variedades de girassol utilizadas foram Embrapa 122 (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), Catissol 01 e Multissol (Coordenadoria de Assistência Técnica Integral - Cati SP) e os híbridos M734 e MG2 (Agrosience Comercial Agrícola LTDA), Aguará e Charrua (Atlântica Sementes LTDA) e Helio 360 (*Helianthus annuus* L. LTDA). Estas foram submetidas a condições de polinização livre e de polinização restringida, como subparcela. A semeadura foi realizada no dia 10 de outubro de 2008, em 32 parcelas de 33,6 m² cada.

A semeadura das cultivares ocorreu em oito linhas espaçadas de 0,70 m, com o espaçamento entre plantas na linha, de 0,30 m. A profundidade de semeadura foi de 0,03 m. Após 20 dias de emergência, que ocorreu no dia 30 de outubro de 2008, foi realizado desbaste deixando uma planta por cova para ajuste do número de plantas por parcela.

Antes do período de florescimento, no estágio R₄ (CASTIGLIONI et al., 1997), foram introduzidas duas colônias de abelhas *Apis mellifera* africanizadas, com população estabilizada e desprovidas de melgueira. As duas colônias foram instaladas na parte central de cada quadrante, mas em locais opostos na área experimental.

Vinte inflorescências de cada genótipo, com diâmetros de capítulo aproximadamente iguais, foram escolhidas ao acaso na área útil de cada parcela. Dez inflorescências foram protegidas com sacos de filó (polinização restringida) e as outras dez foram marcadas, mas sem isolamento (polinização livre).

As características agrônomicas avaliadas contemplando sete variáveis foram: (1) peso de capítulo (PC, em g); (2) massa de 1000 aquênios (M1000, em g); (3) número de aquênios por inflorescência (NA, em un); (4) vigor (VG, em %); (5) germinação (GE, em %); (6) teor de extrato etéreo (TO, em %); e (7) rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹). O rendimento de grãos (RG, em kg ha⁻¹) foi estimado para um "stand" de colheita composto por 45.000 plantas ha⁻¹. O teor de umidade dos aquênios foi determinado pelo método da estufa a 105 °C ± 30 °C durante 24 horas, com duas réplicas de cada unidade experimental (BRASIL, 2009), para posterior transformação dos dados de produtividade em umidade padrão de 11%.

Os registros climáticos coletados diariamente foram fornecidos pela Estação Meteorológica de Marechal Cândido Rondon, PR. Durante a floração, que ocorreu no mês de dezembro, a precipitação pluvial foi de 1,8 mm, a temperatura média de 26 °C, a umidade relativa do ar de 65% e a velocidade média do vento de 2,0 m s⁻¹.

Os dados referentes às variáveis analisadas foram submetidos à análise de variância. Após a realização da análise de variância, levou-se em consideração a significância do fator genótipos de girassol sobre as

variáveis analisadas. Posteriormente, os dados foram submetidos ao teste de normalidade multivariado de Royston (1993).

A análise de dissimilaridade genética foi estimada pelo método da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), a partir das médias das cultivares e da matriz de covariância residual com agrupamento por UPGMA – ligação média entre grupo (CRUZ; REGAZZI, 2001). A contribuição relativa de cada variável para a divergência foi avaliada pelo método de Singh. Todas as análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio do programa computacional GENES, ao nível de 5% de significância (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve efeito significativo ($p < 0,05$) entre as médias dos genótipos de girassol para todas as variáveis respostas analisadas em cada teste de polinização. No experimento conduzido em condição de polinização livre, o coeficiente de variação oscilou de 8,07% a 19,63% para Massa de 1000 Aquênios e Número de Aquênios por Inflorescência, respectivamente. No experimento

conduzido em condição de polinização restringida, o coeficiente de variação oscilou de 5,64% a 51,42% para Massa de 1000 Aquênios e Vigor.

O teste de normalidade multivariado de Royston demonstrou distribuição normal dos dados em cada teste, indicando a possibilidade de realização da análise de agrupamento entre os genótipos em cada teste de polinização por meio do método de agrupamento de UPGMA da distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Em condição de polinização livre, os caracteres teor de óleo (47,51%), número de aquênios por inflorescência (20,92%) e massa de 1000 aquênios (16,24%) apresentaram maiores contribuições para a diversidade genética entre os genótipos. Entretanto, em condição de polinização restringida, os caracteres teor de óleo (64,12%) e peso de capítulo (9,20%) foram os que apresentaram as maiores contribuições para a dissimilaridade entre os genótipos (Figura 1). Amorin et al. (2007) verificaram que os caracteres início do florescimento (13,10%), 50% do florescimento (37,10%), altura da inserção do capítulo (18,55) e o número de folhas (9,10%) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 15 genótipos de girassol.

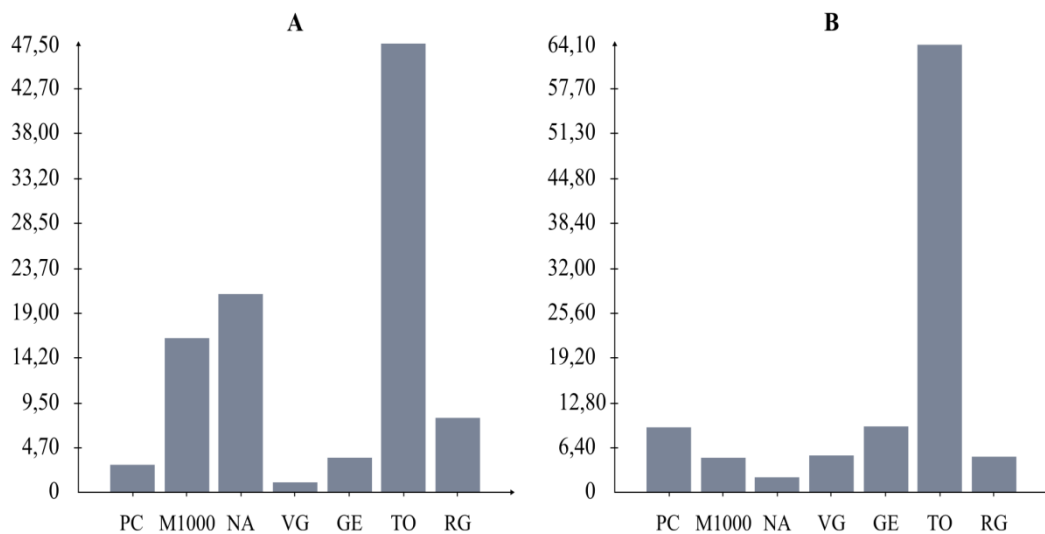


FIGURA 1 - Contribuição relativa de sete caracteres analisados em relação à diversidade genética em condição de polinização livre (A) e restringida aos polinizadores (B). PC – peso de capítulo; M1000 – massa de 1000 aquênios; NA – número de aquênios por inflorescência; VG – vigor; GE – germinação; TO – teor de extrato etéreo e RG – rendimento de grãos.

Os resultados do presente trabalho evidenciam que a contribuição relativa dos caracteres para a expressão da divergência genética entre os genótipos pode ser alterada conforme o sistema de produção, ou seja, com abundância (polinização livre) ou escassez de agentes polinizadores (polinização restringida), devido a variações de ambiente que ocorrem em cada sistema de cultivo.

Em condição de polinização livre, a maior distância genética foi observada entre os genótipos Embrapa 122 e Charrua (221,04) e a menor distância ocorreu entre as variedades Embrapa 122 e Multissol (18,79). Em condição de polinização restringida, a maior distância genética também ocorreu entre a variedade Embrapa 122 e o híbrido Charrua (320,36), bem como a

menor distância entre as variedades Embrapa 122 e Multissol (3,83%) (Tabela 1).

Comparando-se os dendrogramas, obtidos nos experimentos conduzidos em condição de polinização livre (Figura 2) e restringido (Figura 3), verifica-se que em algumas situações os genótipos de girassol não estiveram agrupados do mesmo modo.

Em condição de polinização livre, na linha de corte para agrupamento em 70%, a distância generalizada de Mahalanobis permitiu separar os genótipos de girassol

em dois grandes grupos, diferenciando o genótipo Charrua dos demais (Figura 2).

Em condição de polinização restringida, na linha de corte para agrupamento em 70%, a distância generalizada de Mahalanobis permitiu separar os genótipos de girassol em dois grandes grupos. No grupo I estão incluídas as variedades Embrapa 122 e Multissol. No grupo II estão incluídos os genótipos Catissol 01, MG2, M734, Aguará, Helio 360 e Charrua (Figura 3).

TABELA 1. Medidas de dissimilaridade genética ente oito genótipos de girassol, cultivados em condição de polinização livre e restringidos aos polinizadores, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), Marechal Cândido Rondon, PR, 2009.

Polinização livre								
Genótipos*	1	2	3	4	5	6	7	8
1	-	21,85						
2	21,85	-	35,32					
3	18,80	35,32	-	22,73				
4	28,29	6,77	22,73	-	2,32			
5	25,37	8,40	18,09	2,32	-	41,80		
6	81,03	25,81	101,51	39,90	41,80	-	59,46	
7	221,04	140,04	228,72	150,57	145,58	59,46	-	50,23
8	70,78	26,80	85,06	35,53	36,30	4,73	50,23	-
Polinização restringida								
Genótipos*	1	2	3	4	5	6	7	8
1	-	58,86						
2	58,86	-	73,71					
3	3,83	73,71	-	238,28				
4	219,74	62,65	238,28	-	41,44			
5	93,41	22,25	103,96	41,44	-	78,74		
6	299,31	107,53	321,35	16,79	78,75	-	63,66	
7	320,37	146,00	356,46	73,76	89,90	63,66	-	33,85
8	194,27	55,46	217,41	31,07	31,36	28,69	33,85	-

*1 – Embrapa 122; 2 – Catissol 01; 3 – Multissol; 4 – M734; 5 – MG2; 6 – Aguará; 7 – Charrua; e 8 – Helio 360.

Agrupamentos divergentes entre genótipos de girassol cultivados em diferentes localidades foram observados por Rigon et al. (2012). Camarano et al. (2009) encontraram por meio do método de UPGMA da distância generalizada de Mahalanobis diferentes agrupamentos entre os mesmos genótipos de girassol quando semeados em diferentes épocas e locais, evidenciando uma relação entre a resposta do material genético ao ambiente, tanto pelo local quanto pela variação da época avaliada.

A análise de agrupamento é amplamente utilizada a fim de estimar a melhor decisão na seleção genética de linhagens específicas (AMORIM et al., 2007; MESSETTI; PADOVANI, 2009; SILVA et al., 2011; POLETINE et al., 2012).

O girassol é uma planta de polinização cruzada e os seus principais polinizadores são as abelhas, especialmente *A. mellifera* africanizada (TOLEDO et al.,

2011). A interação genótipo x ambiente implica que os materiais genéticos identificados como melhoradores em um determinado ambiente, não serão necessariamente os de melhor desempenho, se cultivados em um ambiente diferenciado do ambiente do qual esses materiais genéticos foram selecionados (CORRÊA, 2009). Por conseguinte, os resultados aqui descritos sugerem que os genótipos de girassol quando cultivados em condição de polinização livre, ou seja, com uma maior taxa de polinização cruzada, expressam seu potencial genético de modo distinto quando em uma condição de polinização restrita, em que a taxa de polinização cruzada é menor.

Diante da existência de interação genótipos x ambientes, são necessárias avaliações contínuas, em redes de ensaios, a fim de determinar o comportamento agrônomo dos genótipos e sua adaptação às diferentes condições locais (PORTO et al., 2007).

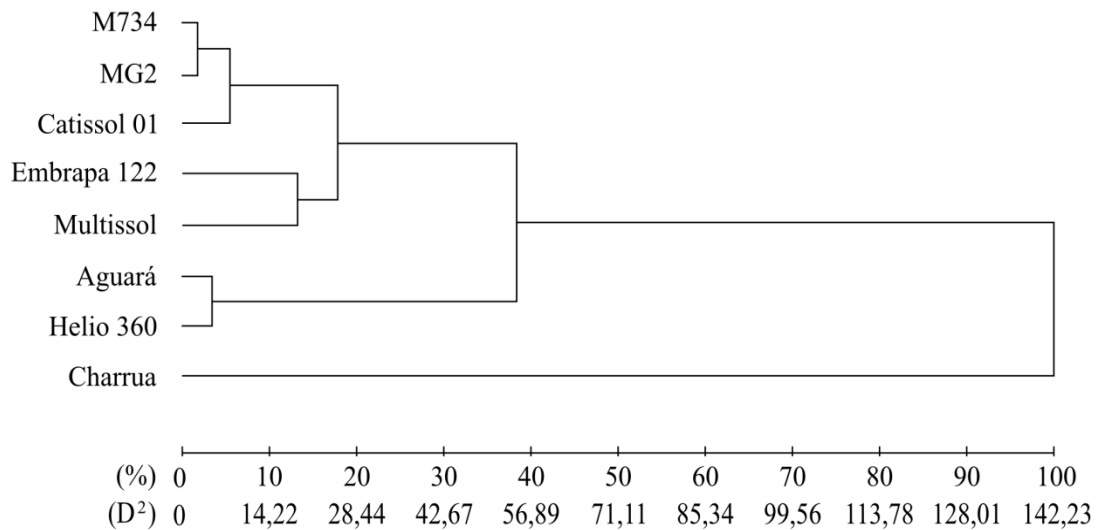


FIGURA 2 - Dendrograma de oito genótipos de girassol em condição de polinização livre, pelo método de agrupamento UPGMA com a distância genética de Mahalanobis (D^2), com sete caracteres agrônômicos relacionados a produção dos genótipos, Marechal Cândido Rondon, 2009.

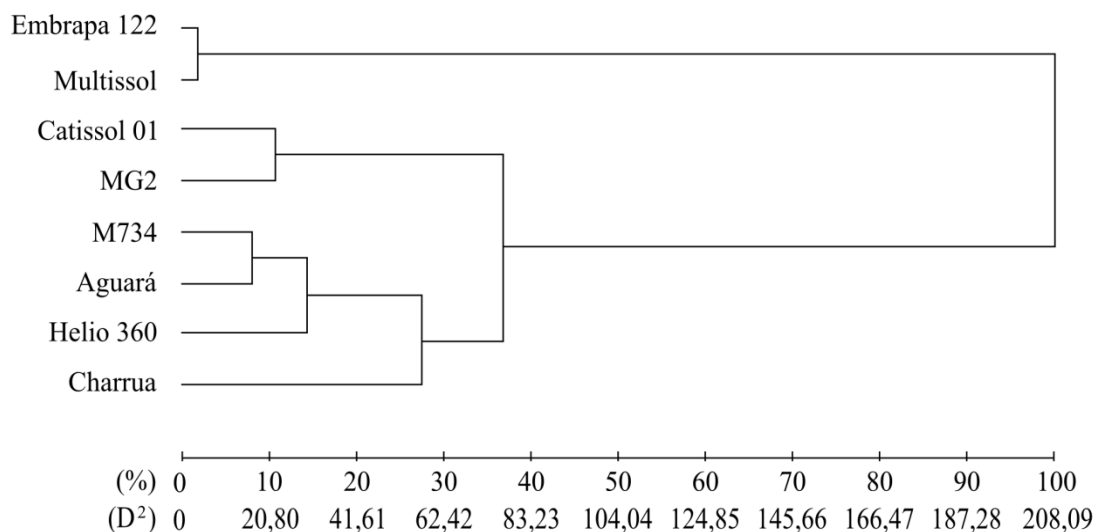


FIGURA 3 - Dendrograma de oito genótipos de girassol em condição de polinização restringida, pelo método de agrupamento UPGMA com a distância genética de Mahalanobis (D^2), com sete caracteres agrônômicos relacionados a produção dos genótipos, Marechal Cândido Rondon, 2009.

CONCLUSÕES

Em ambos os testes de polinização constata-se variabilidade genética entre os oito genótipos de girassol para os sete caracteres agrônômicos avaliados.

Há diferença entre os pesos na contribuição dos caracteres para explicar a dissimilaridade genética entre os

genótipos de girassol em condição de polinização livre e restringida aos polinizadores.

A distância generalizada de Mahalanobis permite identificar agrupamentos divergentes entre os genótipos quando cultivados em condição de polinização livre e restringidos aos polinizadores, especialmente *A. mellifera* africanizada.

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Pós-Graduação em Desenvolvimento Rural Sustentável da UNIOESTE, a CAPES, pela concessão de bolsa ao pós-doutorando Emerson Dechechi Chambó e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UNIOESTE.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMORIN, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e Agrotecnologia*, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. **Regras para Análise de Sementes**. Brasília: SNDA/DNDV/CLAV, 2009. 365p.
- CAMARANO, L.F.; CHAVES, L.J.; BRASIL, E.M.; BORGES, E. Genotypic divergence among sunflower populations. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.40, n.1, p.36-44, 2009.
- CASTIGLIONI, V.B.R.; BALLA, A.; CASTRO, C.; SILVEIRA, J.M. **Fases de desenvolvimento da planta de girassol**. Londrina: EMBRAPA CNPSo, 1997. (Documento, 58).
- CHAMBÓ, E.D.; GARCIA, R.C.; OLIVEIRA, N.T.E.; DUARTE JÚNIOR, J.B. Honey bee visitation to sunflower: effects on pollination and plant genotype. *Scientia Agricola*, v.68, n.6, p.647-651, 2011.
- CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.
- CRUZ C.D. **Princípios de genética quantitativa**. 1 ed. Viçosa: UFV, 2005. 394p.
- CRUZ C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
- JOLY, A.B. **Botânica introdução à taxonomia vegetal**. 13. ed., São Paulo: Companhia Editora Nacional, 2002. 777p.
- MESSETTI, A. V. L.; PADOVANI, C. R. Estudo da divergência genética em girassol por meio de técnicas multivariadas. *Revista Energia na Agricultura*, v.24, n.2, p.14-28, 2009.
- POLETINE, J.P.; MACIEL, C.D.G.; SOUZA, J.I.; BARELLI, M.A.A.; CABRAL, Y.C.F.; OLIVEIRA, V.B.; NEVES, L.G. Genetic divergence among sunflower genotypes based on morphoagronomic traits in Parana State. *African Journal of Agricultural Research*, v.7, n.45, p.6054-6061, 2012.
- 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*, v.42, n.4, p.491-499, 2007.
- RIGON, G.; PAULO, J.; ROBERTO, M.; MARIO, G.; DIRCEU, A. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. *Ciência Rural*, v.42, n.11, p.1954-1959, 2012.
- ROYSTON, J.P. A toolkit for testing for non-normality in complete and censored samples. *The Statistician*, v.42, n.1, p.37-43, 1993.
- SILVA, M.L.O.; FARIA, M.A.; PEREIRA, R.; SANTANA, M.J.; WESLEY, M. Viabilidade técnica e econômica do cultivo de safrinha do girassol irrigado na região de Lavras, MG. *Revista Ciência Agrotecnologia*, v.31, n.1, p.200-205, 2007.
- SILVA, J.A.G.; SCHWERTNER, D.V.; CARBONERA, R.; KRÜGER, C.A.M.B.; CRESTANI, M.; GAVIRAGHI, F.; SCHIAVO, J.; ARENHARDT, E.M. Distância genética em genótipos de girassol. *Revista Brasileira de Agrociência*, v.17, n.3-4, p.326-337, 2011.
- TOLEDO, V.A.A.; CHAMBÓ, E.D.; HALAK, A.L.; FAQUINELLO, P.; PARPINELLI, R.S.; OSTROWSKI, K.R.; CASAGRANDE, A.P.B.; RUVOLLO-TAKASUSUKI, M.C.C. Biologia floral e polinização em girassol (*Helianthus annuus* L.) por abelhas africanizadas. *Scientia Agraria Paranaensis*, v.10, n.1, p.05-17, 2011.
- 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.