

Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

Use of the Gower algorithm in determining genetic divergence among genotypes of *Carthamus tinctorius* L.

Uso del algoritmo de Gower para determinar la divergencia genetica entre genotipos de *Carthamus tinctorius* L.

Recebido: 06/05/2022 | Revisado: 01/06/2022 | Aceito: 01/06/2022 | Publicado: 08/06/2022

João Paulo Egues Lira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1487-2470>
Faculdade Estácio do Pantanal, Brasil
E-mail: jp_egues@hotmail.com

Andressa Alves Cabreira dos Santos

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6731-9575>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: santos.andressa@unemat.br

Altacis Junior de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6787-7160>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: juniormarques11@gmail.com

Emerson Palermo de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0785-1433>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: emerson.palermo@unemat.br

Carla Galbiati

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5442-1562>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
e-mail: carla@unemat.br

Juliana Parisotto Poletine

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4740-7230>
Universidade Estadual de Maringá, Brasil
E-mail: jppoletine@uem.br

Leonarda Grilo Neves

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5863-0449>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: leonardaneves@unemat.br

Marco Antonio Aparecido Barelli

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6385-6733>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: mbarelli@unemat.br

Resumo

O cártamo é uma cultura de alta capacidade para se desenvolver e produzir de forma satisfatória sob condições ambientais adversas. Dessa forma, a análise da diversidade genética em bancos de genes é um componente importante na seleção de genótipos com características desejáveis que promovam ganho genético na prole. Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre genótipos de cártamo utilizando o algoritmo de Gower para o estudo conjunto de dados quantitativos e qualitativos. O experimento foi desenvolvido na área experimental na Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural, no município de Cáceres-MT. Avaliou-se 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L. através de suas características agrônomicas e morfológicas. A divergência entre os genótipos foi estimada por meio da análise multivariada, com base no algoritmo de Gower para as 21 características. Detectou-se variabilidade entre os indivíduos, demonstrando o método de Gower eficaz para estimar a divergência entre os genótipos.

Palavras-chave: Cártamo; Análise multivariada; Melhoramento genético.

Abstract

Safflower is a crop with a high capacity to develop and produce satisfactorily under adverse environmental conditions. Thus, the analysis of genetic diversity in gene banks is an important component in the selection of genotypes with

desirable characteristics that promote genetic gain in the offspring. Given the above, the present work aimed to estimate the genetic divergence between safflower genotypes using the Gower algorithm for the joint study of quantitative and qualitative data. The experiment was developed in the experimental area of the Mato Grosso Company for Research, Assistance and Rural Extension, in the city of Cáceres-MT. We evaluated 124 genotypes of *Carthamus tinctorius* L. through their agronomic and morphological characteristics. The divergence among the genotypes was estimated by multivariate analysis, based on Gower's algorithm for the 21 characteristics. Variability among individuals was detected, demonstrating the effective Gower method to estimate the divergence between genotypes.

Keywords: Safflower; Multivariate analysis; Genetic improvement.

Resumen

El cartamo es un cultivo con una gran capacidad para desarrollarse y producir satisfactoriamente en condiciones ambientales adversas. Así, el análisis de la diversidad genética en los bancos de genes es un componente importante en la selección de genotipos con características deseables que promuevan la ganancia genética en la descendencia. Teniendo en cuenta lo anterior, el presente trabajo tuvo como objetivo estimar la divergencia genética entre genotipos de cártamo utilizando el algoritmo de Gower para el estudio conjunto de datos cuantitativos y cualitativos. El experimento se realizó en el área experimental de la Compañía de Investigación, Asistencia y Extensión Rural de Mato Grosso, en el municipio de Cáceres-MT. Se evaluaron 124 genotipos de *Carthamus tinctorius* L. mediante sus características agronómicas y morfológicas. La divergencia entre los genotipos se estimó mediante un análisis multivariante, basado en el algoritmo de Gower para los 21 caracteres. Se detectó una variabilidad entre los individuos, demostrando la eficacia del método de Gower para estimar la divergencia entre los genotipos.

Palabras clave: Cartamo; Análisis multivariante; Mejora genética.

1. Introdução

O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.), é uma cultura oleaginosa herbácea, de caule ereto e ramificado, pertencente à família das Asteraceae (Anicésio et al., 2018). As plantas são de porte herbáceo com caules ramificados e eretos, variando entre 0,4 e 2,0 m de altura, com sistema radicular pivotante, atingindo até 3,0 m de profundidade (Neto, 2020). Seu cultivo apresenta características importantes, tais como: tolerância a solos salinos, altas temperaturas, déficit hídrico, baixa umidade e aos ventos fortes e quentes (Bagheri & Sam-Dailiri, 2011; Sá et al., 2020). Oferece diferentes formas de utilização (Oliveira, 2016), suas matérias-primas são utilizadas na produção de óleos para consumo humano e para diversos fins indústria (Queiroga et al., 2020). Portanto, devido ao reconhecimento de suas inúmeras serventias, o plantio de cártamo expandiu-se entre o continente asiático, europeu e americano (Sehgal & Raina, 2005).

O ponto de partida em programas de melhoramento genético é a exploração da variabilidade genética (Debbi et al., 2018). Dessa forma, a análise da diversidade genética em bancos de genes é um componente importante na seleção de genótipos com características desejáveis que promovam ganho genético na prole (Nahak et al., 2018; Pandey et al., 2020). O uso de técnicas multivariadas é um dos fatores que impulsiona o aumento nos estudos sobre divergência genética entre genótipos, baseadas em algoritmos ou medidas de distância que consideram inúmeras características nos experimentos de caracterização e avaliação do germoplasma (Vilela et al., 2008).

Entre as técnicas disponíveis, o algoritmo de Gower (1971) é um procedimento de pouca complexidade e que tem produzido resultados confiáveis, sendo uma técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos (Quintal et al., 2012), com valores da matriz de distância compreendidos entre 0 e 1 (Perini et al., 2018), podendo indicar a potencialidade da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma (Moura et al., 2010). Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre genótipos de cártamo utilizando o algoritmo de Gower para o estudo conjunto de dados quantitativos e qualitativos.

2. Metodologia

O experimento foi desenvolvido na área experimental na Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (Empaer), em latitude 16°43'42" Sul e longitude 57°40'51" Oeste com altitude de 118 metros, no município de

Cáceres-MT, na BR 070. De acordo com a classificação de Köppen, o clima da região é do tipo tropical, apresentando temperaturas elevadas durante o ano todo (Dallacort et al., 2014).

O solo foi identificado como Argissolo Vermelho Amarelo Eutrófico chernossólico, de textura média argilosa (Arantes et al., 2012), com características químicas (0-20 cm): pH: 6,2; M.O. (g dm⁻³): 25; Ca (Cmol_c dm⁻³): 2,7; Mg (Cmol_c dm⁻³): 0,6; K (Cmol_c dm⁻³): 0,37; P (mg dm⁻³): 16,6; H+Al (Cmol_c dm⁻³): 3,0. (0-40 cm): pH: 6,0; M.O. (g dm⁻³): 29; Ca (Cmol_c dm⁻³): 2,1; Mg (Cmol_c dm⁻³): 0,8; K (Cmol_c dm⁻³): 0,24; P (mg dm⁻³): 6,0; H+Al (Cmol_c dm⁻³): 3,2.

O Plantio foi realizado a uma profundidade de em torno de 0,05 m, de forma manual no dia 1 de maio de 2018. A unidade experimental foi composta de quatro linhas de um metro, espaçadas em 0,50 m x 0,10 m entre e dentro de fileiras, respectivamente, considerando-se apenas as linhas centrais de cada parcela na avaliação dos tratamentos. Foram avaliados 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L. (Tabela 1) oriundos do Banco Ativo de Germoplasma do Instituto Mato-grossense de Algodão (IMA-MT) e foram cedidos ao Laboratório de Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado” (UNEMAT), Campus de Cáceres.

Tabela 1. 124 genótipos pertencente ao laboratório da UNEMAT.

Nº	PI	Origem	Nº	PI	Origem	Nº	PI	Origem	Nº	PI	Origem
1	193473	Etiópia	33	306832	Índia	65	451954	Índia	97	572431	EUA
2	195895	Marrocos	34	306833	Índia	66	451956	Índia	98	572439	EUA
3	237539	Turquia	35	306838	Índia	67	506426	China	99	572450	EUA
4	248385	Índia	36	306844	Índia	68	508068	EUA	100	572464	EUA
5	248620	Paquistão	37	306866	Índia	69	514625	China	101	572544	Canadá
6	248808	Índia	38	343783	Iran	70	525457	EUA	102	576981	China
7	248828	Índia	39	343930	Etiópia	71	537658	EUA	103	576985	França
8	248839	Índia	40	367833	Argentina	72	537673	EUA	104	613357	EUA
9	248852	Índia	41	369842	Armênia	73	537680	EUA	105	613361	EUA
10	250083	Egito	42	369845	Tajiquistão	74	537682	EUA	106	613366	EUA
11	250188	Paquistão	43	369849	Rússia	75	537684	EUA	107	613373	EUA
12	250190	Paquistão	44	369854	Uzbequistão	76	537697	EUA	108	613380	EUA
13	250203	Paquistão	45	392029	Turquia	77	537712	EUA	109	613382	EUA
14	250204	Paquistão	46	392030	Turquia	78	543980	China	110	613384	EUA
15	250840	Iran	47	392031	Turquia	79	544002	China	111	613394	EUA
16	250922	Iran	48	393500	Iran	80	544013	China	112	613404	EUA
17	251978	Turquia	49	401474	Bangladesh	81	544028	China	113	613409	EUA
18	253540	Hungria	50	401475	Bangladesh	82	544030	China	114	613415	EUA
19	253899	Síria	51	401477	Bangladesh	83	544031	China	115	613419	EUA
20	259996	Paquistão	52	401480	Bangladesh	84	544036	China	116	613422	EUA
21	259997	Paquistão	53	401578	Índia	85	544038	China	117	613456	EUA
22	262443	Espanha	54	401589	Índia	86	544043	China	118	613503	EUA
23	262447	Cazaquistão	55	405955	Iran	87	560178	EUA	119	613519	Iran
24	262450	Índia	56	405961	Iran	88	532639	Índia	120	638543	Canadá
25	279344	Japão	57	405965	Iran	89	568787	China	121	653143	EUA
26	283757	Índia	58	405970	Iran	90	568792	China	122	653149	China
27	304438	Iran	59	405975	Iran	91	568795	China	123	653162	China
28	305161	Índia	60	406006	Iran	92	568798	China	124	653186	China
29	305198	Índia	61	406007	Iran	93	568836	China			
30	305207	Índia	62	406015	Iran	94	568866	China			
31	305209	Índia	63	407606	Turquia	95	568870	China			
32	305540	Cazaquistão	64	407613	Turquia	96	568876	China			

Nº: número; PI: identificação e origem dos genótipos de *Carthamus tinctorius* L. Fonte: Autores (2018).

A adubação foi realizada de acordo com a análise química do solo feita antes da implantação do experimento, baseada na necessidade da cultura do girassol. Foram aplicados 20g do composto N - P₂O₅ - K₂O (formulação 4-14-8) por metro linear e distribuído uniformemente pela linha.

Durante o ciclo de cultivo foram adotadas medidas básicas de manejo, tais como a capina manual, controle de pragas e de doenças quando ocorreram, de forma a não afetar o desenvolvimento da cultura. A irrigação foi realizada por aspersão

conforme necessário, a fim de manter as condições ideais de umidade para o desenvolvimento da cultura. E a colheita foi realizada manualmente após a maturação fisiológica de acordo com o período de cada genótipo.

A caracterização foi realizada baseando-se nos descritores propostos pelo International Board for Plant Genetic Resources - IBPGR (1983) e Ministério Agricultura Pecuária e Abastecimento-MAPA (2013). As características agrônomicas avaliadas foram: Dias para florescimento (FLORESC); Ciclo (CIC); Número de Ramificações/planta (NRP); Altura da Planta (ALTP); Número de Capítulos/planta (NCP); Número de sementes/capítulo (NSC); Diâmetro do capítulo (DC); Diâmetro do caule (Dcaule); Peso de 100 sementes (P100); Comprimento Sementes (CSEM); Largura Semente (LSEM); Produção por planta (PROD). As características morfológicas avaliadas foram: Hábito Crescimento (HC); Cor da Flor (CF); Margens da Folha (MF); Forma da Folha (FF); Espinhos (ESP); Intensidade dos Espinhos (IES); Pappus (PAP); Tombamento (TB) e Maturidade (MT).

A Análise Multivariada foi utilizada para avaliar a divergência entre os 124 genótipos cártamo, com base no algoritmo de Gower (1971), para 21 características, 12 agrônomicas e 9 morfológicas. Empregando-se a análise de agrupamento pelos métodos de otimização via Tocher (Rao, 1952) e o método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA). Todas as análises foram realizadas utilizando os recursos computacionais do software Genes (Cruz, 2016).

3. Resultados e Discussão

Identificou-se que os valores da magnitude de dissimilaridade variaram entre 0,05 e 0,46, indicando a presença de diversidade genética entre os genótipos avaliados. Os genótipos mais distantes foram 49 e 71, com magnitude 0,46, significando que esse seria o cruzamento mais promissor buscando a heterose máxima. Estes materiais divergiram para todas as características morfológicas utilizada no estudo e apresentaram as variáveis agrônomicas NCP, NSC e PROD as que mais contribuíram para esta distância. Enquanto os genótipos 11 e 34 foram os mais similares entre os demais, com magnitude de 0,05, apresentando todas as características morfológicas em comum e as agrônomicas com características próximas para todas as variáveis em estudo.

O método de agrupamento de Tocher modificado baseado no índice de dissimilaridade de Gower (1971) proporcionou a formação de nove Grupos distintos (Tabela 2). Através do método empregado os genótipos mais divergentes foram os genótipos 11 e 76 que ficaram distribuídos em diferentes grupos, apresentando maior distância genética em relação ao conjunto de genótipos avaliado, divergindo principalmente para três descritores morfológicos e um agrônomico. Enquanto o genótipo 11 apresenta CF amarela, IES alta e não TB, o genótipo 76 apresenta CF branca, IES baixo e sim TB. E a variável agrônômica que mais contribuiu para essa distância foi a PROD considerando uma diferença de resultados de pouco mais de 500%.

O agrupamento proposto considerando todo o conjunto de dados não demonstrou agrupamentos baseado nas origens dos materiais, cujo genótipos analisados são provenientes de locais distintos concordantes do que foi possível observar nos dados agrônômicos e morfológicos quando analisados individualmente. Os Grupos VI e VII pode ser considerado uma exceção, uma vez que os genótipos que o compõe cada grupo são da mesma origem, Ásia e América respectivamente.

Os grupos constituídos pelo algoritmo de Gower foram parcialmente semelhantes aos obtidos pelas variáveis quantitativas e pelos descritores qualitativos isoladamente para o método de agrupamento Tocher Original e Modificado, concordando para agrupamento em um mesmo grupo dos genótipos 38-81 e 80-120, apresentando a composição dos demais um pouco diferente.

Tabela 2. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher modificado com base nas estimativas de Gower (1971) entre os 124 genótipos de Cártamo.

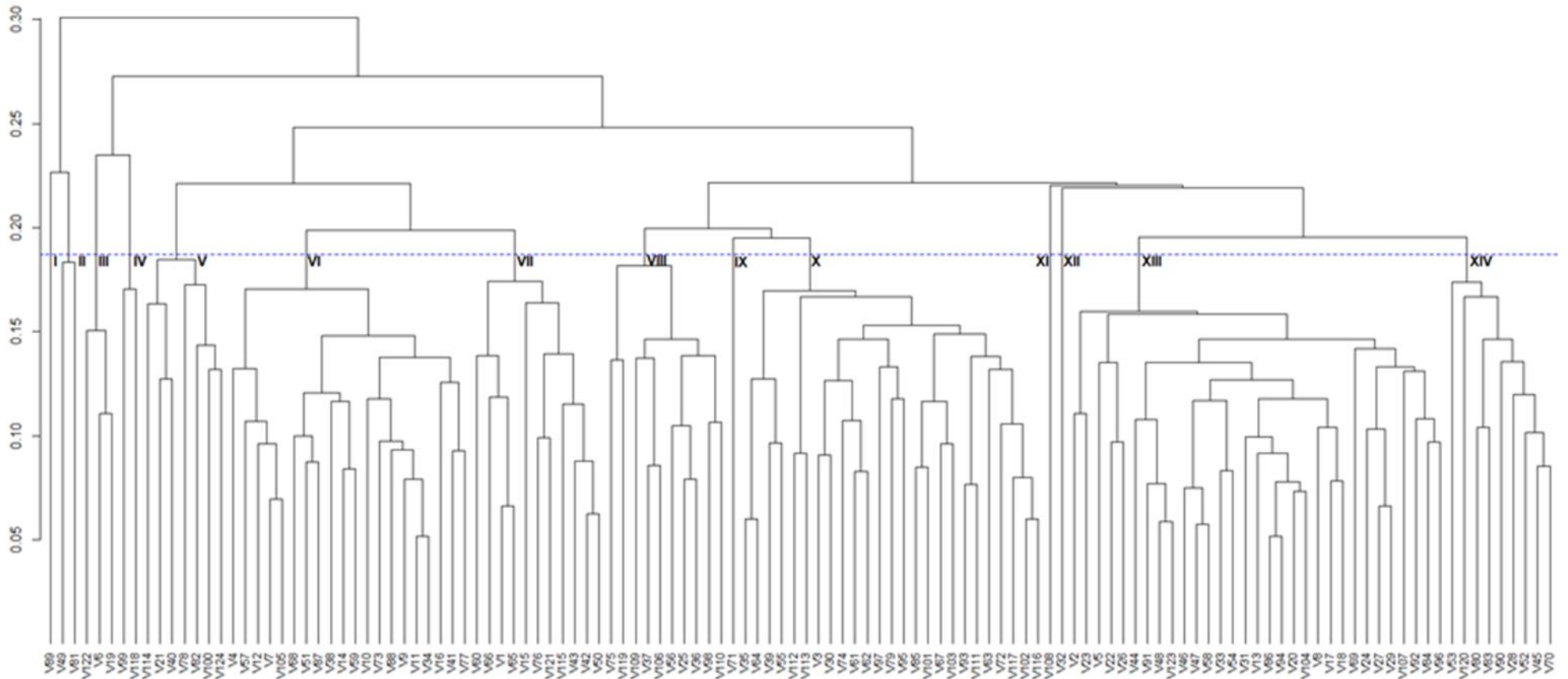
Grupos	Genótipos	%
I	11, 34, 9, 88, 73, 24, 10, 14, 51, 68, 87, 41, 77, 59, 7, 105, 50, 12, 16, 40, 42, 43	17,74
II	86, 94, 104, 20, 18, 13, 58, 47, 91, 31, 27, 8, 17, 96, 92, 46, 84, 33, 26, 29, 107, 2, 123, 48, 54, 44, 69, 28, 22, 45, 5, 70, 23, 90, 79, 102, 35, 3	30,64
III	1, 65, 121, 66, 60, 6, 36, 115, 19, 106, 122, 56, 25, 110, 98, 37, 113, 67, 116, 64, 72, 111, 117, 39, 103, 30, 85, 101, 63, 95, 93, 112, 74, 97, 61, 62, 109, 55, 15, 119, 75	33,87
IV	80, 83, 52, 120, 4, 53, 57	4,03
V	100, 124, 82, 114, 21, 78, 99	4,03
VI	38, 81, 49	2,41
VII	71, 118	1,61
VIII	32, 108, 89	2,41
IX	76	0,80
Total	124	100,0

Fonte: Autores (2018).

O agrupamento UPGMA com base no algoritmo de Gower submetido a um corte significativo de 65% de distância genética possibilitando a divisão dos 124 genótipos de cártamo em 14 grupos distintos (Figura 1). Observando o dendrograma e os dados de campo, os genótipos 89 e 70 foram os mais divergentes, com diferenças para as características morfológicas HC, CF, FF, ESP, IES e Pappus, apresentando como diferenças para as variáveis agronômicas FLORESC, P100 e PROD. O coeficiente de correlação cofenética (CCC), observa-se para o dendrograma (Figura 1) um CCC de 0,66, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo UPGMA, pois de acordo com Vaz Patto et al., (2004), o CCC maior que $\geq 0,56$ indica que o dendrograma reproduz satisfatoriamente a informação contida na matriz, e conseqüentemente na formação do agrupamento.

Observa-se que ambos apresentaram diferenças nos agrupamentos formados, o agrupamento de genótipos feito por Tocher modificado apresentou nove Grupos e o método UPGMA 14 Grupos, mudando um pouco a composição destes. Os genótipos 89, 71, 108 e 32 diferentemente do agrupamento realizado com o método Tocher modificado, ficou separado em agrupamentos individuais no agrupamento de UPGMA (Grupos I, IX, XI e XII respectivamente), já no método Tocher modificado o genótipo que foi separado em agrupamento individual foi o 76, sugerindo que esses genótipos alocados sozinhos em um grupo sejam considerados mais divergentes em relação aos demais.

Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 124 genótipos de cártamo obtido pelo método UPGMA, a partir do índice de dissimilaridade de Gower.



Fonte: Autores (2018).

Vale destacar que para análise em conjunto os genótipos 32, 108 e 89 que ficaram isolados em UPGMA foram alocados em um mesmo grupo (VIII) no método de Tocher modificado. Os genótipos 49 e 81 pertencentes ao Grupo II no método UPGMA também ficaram alocados no mesmo grupo (VI) na metodologia de Tocher modificado. Portanto verifica-se que através da análise conjunta dos dados utilizando a distância do algoritmo de Gower foi possível obter uma estimativa da variabilidade genética com emprego de todas as variáveis avaliadas.

Pelos resultados, infere-se que a utilização da análise em conjunto de dados foi uma técnica útil para detectar divergência genética e agrupar genótipos por meio do uso simultâneo de descritores agrônomicos e morfológicos. Por verificarem que esta análise permite uma boa estimativa da variabilidade, esse método tem sido utilizado por vários autores em diferentes culturas como: Aveia preta (Klein, 2022), pimenta (Macedo, 2021), maracujá (Machado et al., 2015), pinhão-manso (Queiroz, 2015), tomate cereja (Rocha et al., 2010) e outras.

Analisando a divergência genética em genótipos de cártamo através de caracteres morfológicos Silva et al. (2021), verificaram a existência da variabilidade genética através do dendrograma UPGMA e agrupamento de Tocher, demonstrando que esses são eficazes no agrupamento dos genótipos de cártamo.

Através da análise conjunta de dados qualitativos e quantitativos para estudo da diversidade genética nos trabalhos realizado por Santos (2013) e Queiroz (2015), ambos constataram que os genótipos mais divergentes podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético. Em função da existência de variabilidade genética entre os genótipos de cártamo e as estruturas de variação dentro de cada grupo infere-se que os materiais que mais se destacaram para esta análise simultânea foram os genótipos 1, 12, 15, 16, 19, 21, 23, 30, 34, 49, 72, 73, 76, 84, 89, 93, 98, 99, 100, 107, 108, 110, 114, 119, 124.

4. Conclusão

Existe variabilidade genética entre os 124 genótipos de cártamo para as características agrônomicas e morfológicas avaliadas. O método de Gower foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos e quantitativos é viável para estimar a divergência entre os genótipos.

Referências

- Anicésio, E. C. A. D., Bonfim-silva, E. D. N. A., Silva, T. J. A. D., & Pacheco, A. B. (2018). Nitrogênio e potássio em cártamo: índice de clorofila, características biométricas e uso da água. *Revista Caatinga*, 31(2), 424-433.
- Arantes, E. M., Cremon, C., & Luiz, M. A. C. (2012). Alterações dos atributos químicos do solo cultivado no sistema orgânico com plantio direto sob diferentes coberturas vegetais. *Agrarian*, 5(15), 47-54.
- Bagheri, H., & Sam-Daliri, M. (2011). Effect of water stress on agronomic traits of spring safflower cultivars (*Carthamus tinctorius* L.). *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 5(12), 2621-2624.
- Cruz, C. D. (2016). *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*: versão windows. UFV.
- da Silva, V. P., Vital, A. H. A., Lira, J. P. E., Poletine, J. P., Morais, L. H. P., de Oliveira, A. J., & Barelli, M. A. A. (2021). Analysis of genetic divergence in safflower genotypes through morphological characters. *Research, Society and Development*, 10(5), e40610514596-e40610514596.
- Dallacort, R., da Silva Neves, S. M. A., & Nunes, M. C. M. (2014). Variabilidade da temperatura e das chuvas de Cáceres/Pantanal Mato-Grossense-Brasil. *Geografia (Londrina)*, 23(1), 21-33.
- Debbi, A., Bouregghda, H., Monte, E., & Hermosa, R. (2018). Distribution and genetic variability of *Fusarium oxysporum* associated with tomato diseases in Algeria and a biocontrol strategy with indigenous *Trichoderma* spp. *Frontiers in microbiology*, 9, 282.
- Gower, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, p. 857-871, 1971.
- IBPGR [International Board for Plant Genetic Resources]. (1983). Safflower descriptors. *Plant Genetic Resources Newsletter (IBPGR/FAO)*.
- Klein, L. A. (2022). Modelos multivariados na caracterização e seleção de genótipos superiores de aveia preta (*Avena strigosa* S.).
- Macedo, L. A. (2021). Caracterização morfoagronômica e diversidade genética de *Capsicum chinense* Jacq.

- Machado, C. D. F., Jesus, F. N. D., & Ledo, C. A. D. S. (2015). Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37, 442-449.
- MAPA-Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. (2013). Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.). http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos_agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos/agricolas/formulario_cartamo_jan13p.doc.
- Moura, M. D. C. C., Gonçalves, L. S., Sudré, C. P., Rodrigues, R., do Amaral Júnior, A. T., & Pereira, T. N. (2010). Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. *Horticultura Brasileira*, 28, 155-161.
- Nahak, S. C., Nandi, A., Sahu, G. S., Tripathy, P., Dash, S. K., Patnaik, A., & Pradhan, S. R. (2018). Studies on variability, heritability and genetic advance for yield and yield contributing characters in chilli (*Capsicum annuum* L.). *J. Pharma. Phytochem*, 7(1), 2506-2510.
- Neto, O. S. S. D. (2020). Seleção, estabilidade e adaptabilidade de progênes de cártamo para produtividade e teor de óleo.
- Oliveira, C. V. K. D. (2016). Análise do cártamo como cultura enérgica.
- Pandey, M. K., Pandey, A. K., Kumar, R., Nwosu, C. V., Guo, B., Wright, G. C., Bhat, R. S., Chen, X., Bera, S. K., & Yuan, M. (2020). Translational genomics for achieving higher genetic gains in groundnut. *Theoretical and Applied Genetics*, 133(5), 1679-1702.
- Perini, L. J., Zeffa, D. M., Freiria, G. H., Novais, P. S., & Prete, C. E. C. (2018). Diversidade genética entre acessos de soja tipo alimento com base no algoritmo de Gower. In *Colloquium Agrariae. ISSN: 1809-8215* (14(4), 47-57).
- Queiroga, V. P., Girão, E. G., & Albuquerque, E. M. B. (2020) Cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) tecnologias de plantio e utilização. Ed. A Barriguda.
- Queiroz, D. C. (2016). Avaliação de progênes de meio-irmãos e identificação de clones promissores de pinhão-manso por meio de caracteres morfoagronômicos e moleculares.
- Quintal, S. S. R., Viana, A. P., Gonçalves, L. S. A., Pereira, M. G., & do Amaral Júnior, A. T. (2012). Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(1), 131-142.
- Rao, C. R. Advanced statistical methods in biometric research. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.
- Rocha, M. C., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Silva, P. R. A. D., Carmo, M. G. F. D., & Abboud, A. C. D. S. (2010). Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32(3), 423-431.
- Sá, E. L. C., Poletine, J. P., Brondani, S. T., Barelli, A. A. B., & Silva, V. P. (2020). Parâmetros genéticos e dissimilaridade entre acessos de cártamo. *Journal of Agronomic Sciences*, 4, 269-286.
- Santos, D. B. D. (2013). Procedimentos multivariados no agrupamento de genótipos de maracujazeiro com base em matriz de distância conjunta e em separado para características quantitativas e categóricas.
- Sehgal, D., & Raina, S. N. (2005). Genotyping safflower (*Carthamus tinctorius* L.) cultivars by DNA fingerprints. *Euphytica*, 146(1), 67-76.
- Vaz Patto, M. C., Satovic, Z., Pêgo, S., & Fevereiro, P. (2004). Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. *Euphytica*, 137(1), 63-72.
- Vilela, F. O., Amaral Júnior, A. T. D., Pereira, M. G., Scapim, C. A., Viana, A. P., & Freitas Júnior, S. D. P. (2008). Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 30, 25-30.