

Dissimilaridade fenotípica em genótipos de girassol

Phenotypic dissimilarity in sunflower genotypes

Disimilitud fenotípica en los genotipos del girassol

Recebido: 30/10/2020 | Revisado: 06/11/2020 | Aceito: 13/11/2020 | Publicado: 17/11/2020

Victor Rafael Siqueira Correa

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3879-7014>

Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil

E-mail: victor_siqueira95@hotmail.com

Taniele Carvalho de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6900-6449>

Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil

E-mail: tani.ele@hotmail.com

Altacis Junior de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6787-7160>

Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil

E-mail: altacismarquesfig@hotmail.com

Marco Antonio Aparecido Barelli

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6385-6733>

Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil

E-mail: mbarelli@unemat.br

Valvenarg Pereira da Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8450-3016>

Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil

E-mail: silvabiologo@hotmail.com

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

Resumo

O girassol é uma oleaginosa e seu cultivo está associado à produção de óleo comestível, biodiesel, ornamentação, ração para animais. A quantificação da variabilidade genética de girassol pode ser avaliada com base no seu rendimento, que é em função de diversas características morfológicas. Com isso, objetivou-se estimar a dissimilaridade fenotípica de genótipos de girassol através das características morfológicas. O trabalho foi conduzido na área experimental da Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural, em Cáceres-MT, com delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições. Avaliando as seguintes características: início do florescimento, maturação fisiológica, altura de plantas, curvatura do caule, tamanho do capítulo e peso de mil aquênios. A dissimilaridade fenotípica entre os nove genótipos foi avaliada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis*, e empregando às análises de agrupamento de UPGMA e Tocher, Variáveis Canônicas e Importância Relativa dos Caracteres com uso do programa Genes. Constatou-se diferenças significativas pelo teste F a 1 % de probabilidade, para todas as características avaliadas demonstrando a existência de dissimilaridade fenotípica para os genótipos com base nas seis características morfológicas. O genótipo AGUARÁ 06 apresentou a maior distância genética sendo o mais dissimilar, podendo ser usado para possíveis cruzamentos. As características início de florescimento e maturação fisiológica foram as mais contribuintes para a obtenção da dissimilaridade fenotípica.

Palavras-chave: *Helianthus annuus* L.; Análise multivariada; Características morfológicas; Variabilidade genética.

Abstract

The sunflower is an oleaginous and its cultivation is associated with the production of edible oil, biodiesel, ornamentation, animal feed. The quantification of the genetic variability of sunflower can be evaluated based on its yield, which is in function of several morphological characteristics. The purpose of this study was to estimate the phenotypic dissimilarity of sunflower genotypes through morphological characteristics. The work was conducted in the experimental area of the Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural, in Cáceres-MT, with random block design with four repetitions. Evaluating the following characteristics: beginning of flowering, physiological maturation, height of plants, curvature of the stem, size of the chapter and weight of a thousand aquenes. The phenotypic dissimilarity between the nine genotypes was evaluated based on the Generalized Distance of Mahalanobis, and using the grouping analyses of UPGMA and Tocher, Canonical Variables

and Relative Importance of Characters using the Genes program. Significant differences were found by the F test at 1% probability, for all characteristics evaluated demonstrating the existence of phenotypic dissimilarity for the genotypes based on the six morphological characteristics. The AGUARÁ 06 genotype presented the greatest genetic distance being the most dissimilar and can be used for possible crosses. The characteristics beginning of flowering and physiological maturation were the most contributors to obtain phenotypic dissimilarity.

Keywords: *Helianthus annuus* L.; Multivariate analysis; Morphological characteristics; Genetic variability.

Resumen

El girasol es una oleaginosa y su cultivo está asociado a la producción de aceite comestible, biodiesel, adornos y alimentos para animales. La cuantificación de la variabilidad genética del girasol puede evaluarse sobre la base de su rendimiento, que está en función de varias características morfológicas. El propósito de este estudio fue estimar la disimilitud fenotípica de los genotipos del girasol a través de las características morfológicas. El trabajo se realizó en el área experimental de la Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural, en Cáceres-MT, con diseño de bloques aleatorios con cuatro repeticiones. Evaluando las siguientes características: inicio de la floración, maduración fisiológica, altura de las plantas, curvatura del tallo, tamaño del capítulo y peso de mil aquenes. La diferencia fenotípica entre los nueve genotipos se evaluó sobre la base de la distancia generalizada de Mahalanobis, y utilizando el análisis de agrupación de UPGMA y Tocher, las variables canónicas y la importancia relativa de los personajes mediante el programa Genes. En la prueba F se encontraron diferencias significativas con una probabilidad del 1% para todos los caracteres evaluados, lo que demuestra la existencia de una diferencia fenotípica para los genotipos basados en los seis caracteres morfológicos. El genotipo AGUARÁ 06 es el de mayor distancia genética, siendo el más disímil y puede ser utilizado para posibles cruces. Las características de inicio de la floración y maduración fisiológica fueron las que más contribuyeron a obtener la disimilitud fenotípica.

Palabras clave: *Helianthus annuus* L.; Análisis multivariado; Características morfológicas; Variabilidad genética.

1. Introdução

O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma planta da família Asteraceae, nativo da América do Norte, onde era cultivado como planta ornamental e medicinal. Atualmente seu cultivo está relacionado à prática de rotação e sucessão de culturas, por apresentar características agronômicas desejáveis, como ciclo curto, ampla adaptabilidade às variações ambientais, alta capacidade de adaptação a variações de latitude, longitude e fotoperíodo (Oliveira et al., 2017).

Seu cultivo está associado à produção de óleo comestível, biodiesel, ornamentação, ração para ruminantes, suínos e aves de criação (Souza et al., 2015; Castro & Leite, 2018). Destaca-se em nível mundial como a terceira oleaginosa em produção de matéria prima, ficando atrás somente das culturas de soja, colza, e a frente de algodão e amendoim (USDA, 2020).

Em programas de melhoramento genético do girassol é imprescindível que haja variabilidade genética para obtenção de ganho genético no desenvolvimento de novos híbridos ou variedades de polinização aberta (Amorim et al., 2007). Pesquisas sobre dissimilaridade fenotípica geram dados importantes para os programas de melhoramento, através da avaliação de características morfoagronômicas, com base no desenvolvimento e seleção de genótipos superiores (Silva et al., 2011; Lira et al., 2017).

Entre os procedimentos estatísticos utilizados na avaliação da dissimilaridade fenotípica com base em características morfológicas estão às estimativas de distâncias entre cada par de genótipos e sua apresentação em uma matriz simétrica (Vogt et al., 2012). Esse estudo baseia-se em características agronômicas, morfológicas, coeficiente de parentesco ou ainda moleculares, empregando técnicas multivariadas, as quais permitem unificar essas informações (Cruz et al., 2012; Oda et al., 2015).

Na quantificação da variabilidade genética existente na cultura podem ser avaliados com base no seu rendimento, que é em função de diversas características agronômicas como a altura de planta, o número de folhas, o diâmetro do capítulo, o número de aquênios por capítulo e a massa de aquênios, entre outros, que, interagindo entre si e com o ambiente, possibilitam a expressão do potencial genético do genótipo utilizado (Souza et al., 2014).

Os métodos multivariados baseiam-se na interpretação simultânea das características obtidas para mais de um genótipo. Estão disponíveis várias metodologias para avaliar a similaridade genética entre genótipos. Dentre os mais utilizados, citam-se os componentes principais, variáveis canônicas, Tocher e os métodos hierárquicos (Cruz et al., 2012). Pela

análise da importância das características é possível classificar variáveis estudadas com base na sua contribuição para a diversidade genética e eliminar aquelas com menor contribuição (Nascimento et al., 2014).

Buscando por genótipos mais adaptados, o conhecimento de dados genéticos deve ser constante, a fim de auxiliar pesquisas científicas. Estudos a respeito da variabilidade genética geram informações importantes, servindo como base para desenvolvimento e seleção de materiais superiores (Lira, 2017). Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho estimar a dissimilaridade fenotípica de genótipos de girassol através das características morfológicas.

2. Metodologia

O ensaio foi conduzido na área pertencente a Empresa Mato Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (EMPAER), localizada a 15 km do município de Cáceres-MT. A latitude do local é de 16° 13' 42" S e longitude de 57° 40' 05" W à uma altitude de 118m. O clima característico da região segundo a classificação de Köppen é do tipo tropical, quente, úmido e inverno seco (Awa), a temperatura média anual é de 25,2 °C, com pluviosidade média em torno de 1.348,3 mm. O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Eutrófico chernossólico, de textura média argilosa (ARANTES et al., 2012).

Foram avaliados nove genótipos de girassol provenientes da Empresa Brasileira de Agropecuária - EMBRAPA/SOJA (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição dos genótipos avaliados cedidos pela Empresa Brasileira de Agropecuária - EMBRAPA.

| Nº | Genótipo | Base genética ^{1/} | Procedência | Ciclo |
|----|-----------|-----------------------------|-------------|--------------|
| 01 | ADV 5504 | HS | Advanta | Superprecoce |
| 02 | Helio 251 | HS | Heliagro | Precoce |
| 03 | Helio 250 | HS | Heliagro | Precoce |
| 04 | AGUARÁ 06 | HD | Atlântica | Tardio |
| 05 | SYN 045 | HS | Syngenta | Médio |
| 06 | CF 101 | HS | Advanta | Superprecoce |
| 07 | AGUARÁ 04 | HD | Atlântica | Médio |
| 08 | BRS 323 | HS | EMRAPA | Precoce |
| 09 | OLISUM 03 | HS | Atlântica | Precoce |

^{1/}HS: híbrido simples e HD: híbrido duplo. Fonte: Autoral.

Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso (DBC), com quatro repetições e nove genótipos de girassol. As parcelas foram formadas por quatro linhas de 6,0 m, com espaçamento de 0,7 m entre linhas e 0,3 m entre plantas, totalizando área total do experimento com 680 m². Considerando apenas as duas linhas centrais, desprezando assim as duas linhas laterais, e eliminando 0,50 cm de cada extremidade, avaliando um total de 34 plantas por parcela.

Na realização do plantio foram feitas operações de aração, gradagem e adubação baseada na análise química do solo (Tabela 2), e na exigência da cultura aplicando 40 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 80 kg ha⁻¹ de K₂O. No manejo da cultura foi adotado capina manual, irrigação por aspersão e aplicação de inseticidas sempre que necessário. A semeadura foi realizada em outubro de 2018, foram semeadas três sementes por covas, totalizando 21 covas por linha. O desbaste foi realizado sete dias após o plantio, deixando apenas 21 plantas por linha.

Tabela 2. Análise química e textura do solo de amostras retiradas na profundidade de 0-20 e 20-40 cm da área experimental.

| Perfil | Análise Química | | | | | | | | | |
|---------|------------------|-------------------|---------------------|------|-------|-----|-----|-----|------|--------------------|
| | pH | pH | P | K | Ca+Mg | Ca | Mg | Al | H+Al | MO |
| | H ₂ O | CaCl ₂ | mg dm ⁻³ | | | | | | | g dm ⁻³ |
| 0 – 20 | 6,2 | 5,5 | 16,6 | 0,37 | 3,3 | 2,7 | 0,6 | 0,0 | 3,0 | 25 |
| 20 – 40 | 6,0 | 5,3 | 6,0 | 0,24 | 2,9 | 2,1 | 0,8 | 0,0 | 3,2 | 29 |

Fonte: Autores.

Foram mensuradas as seguintes características agronômicas: início do florescimento (IF, em dias): 50% das plantas na parcela apresentaram pétalas amarelas; maturação fisiológica (MF, em dias): quando 90% das plantas na parcela apresentaram capítulos em brácteas de coloração entre amarelo e castanho (30% de umidade nos aquênios); altura de plantas (AP, em m): medida da base do solo até a inserção do capítulo; curvatura do caule (CC): segundo a escala de 1- nenhuma curvatura até 7 – totalmente curvado (Carvalho et al. 2008); tamanho do capítulo (TC, em mm): determinado com auxílio de um paquímetro digital onde foi medido a circunferência; e peso de mil aquênios (PA, em g): determinada através da contagem e pesagem de mil aquênios de cada genótipo com auxílio de uma balança de precisão.

A dissimilaridade fenotípica entre os nove genótipos foi avaliada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{ii}), e empregando às análises de agrupamento de UPGMA e Tocher, Variáveis Canônicas e Importância Relativa dos Caracteres com uso do programa Genes (Cruz, 2013).

3. Resultados e Discussão

Os resultados das análises de variância constatou-se que houve diferenças significativas, em nível de 1% de probabilidade, pelo teste F, para todas as características avaliadas, demonstrando a existência de dissimilaridade fenotípica para os genótipos com base nas seis características morfológicas (Tabela 3).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para as características peso de mil aquênios (PA), altura de planta (AP), tamanho do capítulo (TC), início do florescimento (IF) maturação fisiológica (MF) e curvatura do caule (CC) em nove genótipos de girassol.

| Quadrados Médios | | | | | | | |
|------------------|----|----------|--------|----------|---------|---------|--------|
| FV | GL | PA | AP | TC | IF | MF | CC |
| Blocos | 3 | 36,43 | 0,01 | 218,32 | 5,98 | 2,63 | 0,34 |
| Tratamentos | 8 | 247,24** | 0,07** | 271,09** | 41,17** | 30,06** | 1,81** |
| Resíduo | 24 | 13,96 | 0,06 | 67,05 | 1,12 | 2,38 | 0,08 |
| Média | | 46,29 | 1,50 | 107,41 | 54,43 | 98,73 | 5,18 |
| CV (%) | | 8,07 | 5,39 | 7,62 | 1,94 | 1,56 | 5,55 |

** significativos respectivamente nos níveis de 1% de probabilidade, pelo teste F. Fonte: Autores.

O coeficiente de variação (CV) apresentou amplitude de 1,56 a 8,07% indicando precisão experimental e pouca influência do ambiente, Segundo Krause et al. (2012) quanto menor o valor do CV mais confiáveis serão os parâmetros analisados, auxiliando na tomada de decisão dos melhoristas na escola de materiais superiores. Estes resultados estão dentro dos limites encontrados por Amorim et al. (2007), Vogt et al. (2010), Paiva et al. (2018) e Santos et al. (2018).

Com base nas características morfoagronômicas, os genótipos que apresentaram maior dissimilaridade foram ADV 5504 e AGUARÁ 06, apresentando a maior distância $D^2_{ii'}$ genética entre eles (247,31). E a menor distância genética foi apresentada pelo genótipo ADV 5504 e CF 101, com o valor de $D^2_{ii'}$ (4,55), tornando-se os mais similares (Tabela 4).

Tabela 4. Medidas de dissimilaridade entre os nove genótipos de girassol, em relação às seis características, com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{ii}). Cáceres-MT, 2018.

| Genótipo ^{1/} | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
|------------------------|---|--------|-------|--------|-------|--------|-------|--------|--------|
| 1 | 0 | 100,36 | 53,45 | 247,31 | 75,41 | 4,55 | 84,47 | 68,10 | 107,46 |
| 2 | | 0 | 18,42 | 70,57 | 22,12 | 86,94 | 59,47 | 70,37 | 45,00 |
| 3 | | | 0 | 135,86 | 33,33 | 40,49 | 78,04 | 48,96 | 59,94 |
| 4 | | | | 0 | 56,44 | 228,91 | 63,67 | 146,33 | 51,47 |
| 5 | | | | | 0 | 67,30 | 13,34 | 31,66 | 28,03 |
| 6 | | | | | | 0 | 80,97 | 54,46 | 101,26 |
| 7 | | | | | | | 0 | 49,03 | 39,15 |
| 8 | | | | | | | | 0 | 101,33 |
| 9 | | | | | | | | | 0 |

^{1/}(1) ADV 5504, (2) HELIO 251, (3) HELIO 250, (4) AGUARÁ 06, (5) SYN 045, (6) CF 101, (7) AGUARÁ 04, (8) BRS 323 e (9) OLISUM 03. Fonte: Autores.

As amplitudes das magnitudes das estimativas de dissimilaridade de *Mahalanobis* observadas sugerem ampla variabilidade genética, viabilizando desta forma, a seleção de genitores contrastantes para possíveis cruzamentos. Resultados semelhantes foram observados por Amorim et al. (2007), Rigon et al. (2012) e Poletine et al. (2016).

O agrupamento de genótipos realizado pelo método de otimização Tocher permitiu a formação de quatro grupos (Tabela 5). Os grupos III e IV foram os menos expressivos, formado por apenas um genótipo, ÁGUARÁ 06 e o BRS 323, respectivamente, sugerindo que estes genótipos são os mais dissimilares do total analisado.

As características IF e MF foram determinantes para a formação do grupo I, neste estão presentes os genótipos que apresentaram menores intervalos, considerados como precoces. O grupo II reuniu os genótipos com maior TC e CC. O grupo III composto apenas pelo genótipo AGUARÁ 06, teve sua formação determinada por apresentar maior AP, e o grupo IV composto pelo genótipo BRS 323 que apresentou maior PA em relação aos demais.

Tabela 5. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher baseado na dissimilaridade entre nove genótipos de girassol.

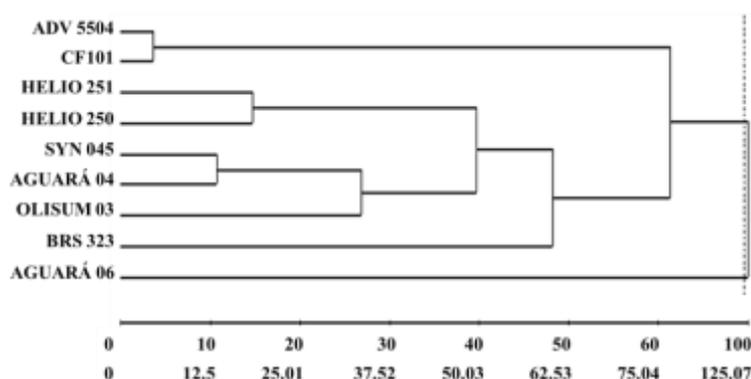
| Grupos | Genótipos |
|--------|---|
| I | ADV 5504, CF 101, HELIO 250 e HÉLIO 251 |
| II | SYN 045, AGURÁ 04 e OLISUM 03 |
| III | ÁGUARÁ 06 |
| IV | BRS 323 |

Fonte: Autores.

Vogt et al. (2010) avaliando a dissimilaridade genética entre cultivares de girassol no Planalto Norte Catarinense obtiveram a formação de três grupos pelo método de Otimização de Tocher. Leandro et al. (2017) e Oliveira et al. (2017) em estudo sobre a divergência genética em girassol também obtiveram a formação de três grupos.

O método de agrupamento UPGMA permitiu a divisão de genótipos em dois grupos distintos (Figura 1). O primeiro grupo foi constituído pelos genótipos ADV 5504, CF101, HELIO 251, HELIO 250, SYN 045, AGUARÁ 04, BRS 323 e OLISUN 03 por apresentarem maior CC e menor AP, IF, MF. E o segundo grupo possuiu somente o genótipo AGUARÁ 06 por apresentar maior AP, IF e MF, equiparando-se ao método de Otimização de Tocher que também isolou este genótipo em um grupo distinto dos demais.

Figura 1. Dendograma representativo do agrupamento de nove genótipos de girassol, pelo método UPGMA, baseado na dissimilaridade estimada a partir de seis características morfoagronômicas.



Fonte: Autores.

O dendograma de UPGMA foi concordante com as distâncias de *Mahalanobis*, no Grupo I os genótipos ADV 5504 e CF 101 são os mais similares, ficando assim no mesmo

grupo e o grupo II foi composto apenas pelo genótipo AGUARÁ 06, considerado então o mais divergente. Poletine et al. (2016) avaliando a divergência genética entre híbridos superiores de girassol pelo método de agrupamento de UPGMA, observou a formação de três grupos distintos. Já Silva et al. (2011) avaliando a distância genética em genótipos de girassol obteve a formação de cinco grupos pelo método de agrupamento de UPGMA.

O coeficiente da correlação cofenética (CCC) aplicado ao método de agrupamento UPGMA, demonstrou significância ao nível de 1% de probabilidade quanto à confiabilidade da relação entre a matriz e o dendograma, apresentando o valor de 0,65**. Esses resultados mostram que os grupos formados a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* apresentam maior consistência. Segundo Oliveira et al. (2019), o ajuste entre a matriz e o agrupamento mostra a importância do melhorista em comparar mais de um método em busca da diversidade genética.

A avaliação da diversidade genética por meio da técnica de análise de Variáveis Canônicas indicou que as variáveis VC1 e VC2 explicam 81,77% da variação total (64,78% para a primeira, 16,99% para a segunda) (Tabela 6). De acordo com Cruz et al. (2014), para uma boa interpretação da variabilidade genética entre os genótipos é necessário que as duas primeiras variáveis canônicas permitam uma estimativa mínima de 80% da variação total contida no conjunto de caracteres. Com isso, é possível explicar de forma satisfatória e confiável a variabilidade dos genótipos do presente estudo em uma plotagem bidimensional com grau desprezível de distorção causado pelas distâncias entre os genótipos.

Tabela 6. Autovalores (λ_i) correspondentes às percentagens de variação, explicadas Variáveis Canônicas (VC_i), de seis características, avaliadas em nove genótipos de girassol. Cáceres-MT, 2020.

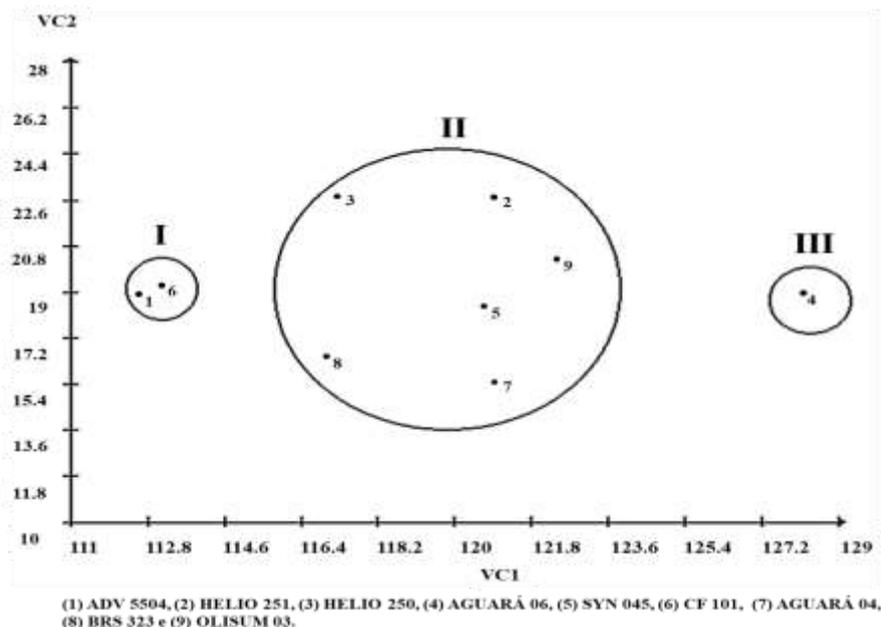
| Autovalores | | |
|-----------------|-------------|---------------|
| VC _i | λ_i | Acumulado (%) |
| VC1 | 23,61 | 64,78 |
| VC2 | 6,19 | 81,77 |
| VC3 | 5,08 | 95,72 |
| VC4 | 1,18 | 98,98 |
| VC5 | 0,34 | 99,92 |
| VC6 | 0,02 | 100 |

Fonte: Autores.

Resultados semelhantes foram observados por Vogt et al. (2010), estimando a divergência genética entre cultivares de girassol constataram que as duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) foram suficientes para apresentar mais de 83% da variação genética. Já Paiva et al. (2018) avaliando a divergência genética entre genótipos de girassol em Cáceres-MT observaram que as três primeiras variáveis explicaram cerca de 89,04% da variação total. Corroborando com Vogt et al. (2012) que estimando a divergência fenotípica de cultivares de girassol utilizando técnicas de análise multivariada observaram que as três primeiras foram suficientes para representar 83,7% da variância dos genótipos.

Observa-se na figura 2 a dispersão gráfica dos genótipos de girassol, a formação do grupo I foi determinada por apresentar maior valor para as características TC e PA, enquanto o grupo II foi formado pelas características IF e MT com valores menores, e terceiro grupo (AGUARÁ 06) obteve valores superiores para as variáveis AP, IF e MT, respectivamente.

Figura 2. Dispersão gráfica dos escores, em relação aos dois eixos representativos das duas primeiras Variáveis Canônicas (VC1 e VC2), obtidas de seis características avaliadas em nove genótipos de girassol. Cáceres-MT, 2018.



Fonte: Autores.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética, pelo método de Singh (1981) baseado na distância de *Mahalanobis*

indicou que as características IF (44,25%) e MT (20,99%), foram as que mais contribuíram para a divergência total entre os genótipos de girassol (65,24%) (Tabela 7).

Tabela 7. Contribuição relativa das seis características morfoagronômicos avaliados para a divergência genética dos genótipos de girassol. Cáceres-MT, 2018.

| Características ^{1/} | <i>S.j</i> | <i>S.j</i> (%) |
|-------------------------------|------------|----------------|
| IF | 1161,20 | 44,25 |
| MT | 550,87 | 20,99 |
| AP | 295,43 | 11,25 |
| PA | 281,93 | 10,74 |
| CC | 295,16 | 11,24 |
| TC | 39,51 | 1,50 |

^{1/}PA: peso de mil aquênios (g); AP: altura de planta (m); TC: tamanho do capítulo (cm); IF: início do florescimento (dias); MF: maturação fisiológica (dias); CC: curvatura do caule (escala de 1 – nenhuma curvatura até 7 – totalmente curvado). Fonte: Autores.

As características AP, CC e PA, contribuíram respectivamente 11,25%, 11,24% e 10,74%. A característica TC se mostrou pouco expressiva na discriminação da divergência genética (1,50%), o que pode estar relacionado com o fato de a característica não apresentar variabilidade genética. Paiva et al. (2018), avaliando a contribuição de cinco características de 19 genótipos de girassol, no município de Cáceres-MT, obteve os seguintes resultados, altura de planta (47,65%) e florescimento (21,33%), curvatura do caule (13,44%) e maturação fisiológica (13,20%). E Rigon et al. (2012) avaliando a dissimilaridade genética entre cultivares de girassol em diferentes localidades com base em seis características, observaram que o número de mil aquênios (50%) e inserção do capítulo (14 e 21%), variando conforme o ambiente.

4. Conclusão

Existe variabilidade genética entre os genótipos de girassol para as seis características fenotípicas avaliadas.

O genótipo AGUARÁ 06 apresentou a maior distância genética dentre os genótipos estudados, sendo o mais dissimilar podendo ser usado para possíveis cruzamentos.

As características que mais contribuíram para a divergência genética foram IF e MF.

Referências

- Amorim, E. P., Ramos, N. P., Ungaro, M. R. G., & Kiih, T. A. M. (2007). Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e agrotecnologia*, 31(6), 1637-1644.
- 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.
- Carvalho, C. G. P., Porto, W. S., Pinto, R. J. B., Oliveira, M. F., & Oliveira, A. C. B. (2008). Evaluation of sunflower cultivar for central Brazil. *Scientia Agrícola*, 65(2), 139-144.
- Castro, C. D., & Leite, R. D. C. (2018). Main aspects of sunflower production in Brazil. *Embrapa Soja-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
- Cruz, C. D. (2013). GENES: software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35(3), 271-276.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., & Regazzi, A. J. (2014). Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. *Viçosa: Editora UFV*, 668.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. (2012). Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. *Viçosa: UFV, Imprensa Universitária*. 514p.
- Krause, W., Rodrigues, R., & Leal, N. R. (2012). Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. *Revista Ciência Agronômica*, 43(3), 522-531.
- Leandro, R. I., de Oliveira, S. L., Gomes, P. L., Moreira, E. F., de Menezes, C. W. G., & Gomes Filho, A. (2017). Genetic divergence of sunflower genotypes cultivated in Januaria North of Minas Gerais 2016/2017 season. *Documentos-Embrapa Soja*, (395), 180-193.

Lira, E. G., Amabile, R. F., Fagioli, M., & Montalvão, A. P. L. (2017). Parâmetros genéticos, correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais e variabilidade genética em girassol no Cerrado. *Ciência Rural*, 47(8).

Nascimento, W. M. O. D., Gurgel, F. D. L., Bhering, L. L., & Ribeiro, O. D. (2014). Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. *Revista Ceres*, 61(4), 538-543.

Oda, M. C., Sedyama, T., Matsuo, É., Cruz, C. D., Barros, E. G., & Ferreira, M. F. S. (2015). Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. *Agronomy Science and Biotechnology*, 1(1), 1-1.

Oliveira, C. S., Peixoto, J. V. M., Momesso, M. P., Pereira, L. M., Peres, H. G., & Maciel, G. M. (2019). Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. *Revista Ciência, Tecnologia & Ambiente*, 9(1).

Oliveira, M. L. A., Paz, V. P. S, Gonçalves, K. S., & Oliveira, G. X. S. (2017). Crescimento e produção de girassol ornamental irrigado com diferentes lâminas e diluições de água residuária. *Irriga*, 22(2), 204-219.

Oliveira, S. L., Gomes Filho, A., Soares, D. P., Moreira, E. F., Chaga, L. M., Silva, G. G., & Gomes, P. L. (2017). Dissimilaridade fenotípica em genótipos de girassol cultivados no norte de Minas Gerais. *Agri-Environmental Sciences*, 3(2), 19-28.

Paiva, C. S.; Gonçalves, D. L.; Oliveira, T. C.; Santos, P. R. J.; Silva, C. R.; Barelli, M. A. A. (2018). Divergência genética entre genótipos de girassol. *Journal of Agronomic Sciences, Umuarama*, 7(1), 1-13.

Poletine, J. P., Borázio, R. F., Barelli, M. A. A., Severino, J. J., Augusto, J., & Silva, G. C. M. (2016). Quantificação da divergência genética entre híbridos superiores de girassol. *Journal of Agronomic Sciences, Umuarama*, 5(1), 29-45.

Rigon, J. P. G., Capuani, S., Cherubin, M. R., Rosa, G. M., & Wastowski, A. D. (2012). Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. *Ciência Rural*, 42(11), 1954-1959.

Santos, L. G., Meira, A. L., Públio, A. P. P. B., Alves, H. T., Souza, U. O., & Amaral, C. L. F. (2018). Parâmetros genéticos da germinação de sementes e emergência de plântulas em girassol. *MAGISTRA*, 29(1), 47-55.

Silva, J. A. G., Schwertner, D. V., Carbonera, R., Crestani, M., Gaviraghi, F., Schiavo, J., & Arenhardt, E. G. (2011). Distância genética em genótipos de girassol. *Current Agricultural Science and Technology*, 17(3).

Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41(2), 237-245.

Souza, F. R., Silva, I. M., Pellin, D. M. P., Bergamin, A. C., & Silva, R. P. (2015). Características agronômicas do cultivo de girassol consorciado com *Brachiaria ruziziensis*. *Revista Ciência Agronômica*, 46(1), 110-116.

Souza, L. H. B., Peixoto, C. P., Silveira, P. S., da Silva Ledo, C. A., Lima, V. P., & dos Santos, A. P. S. (2014). Características agronômicas e rendimento de girassol em diferentes épocas de semeadura e populações de plantas no Recôncavo da Bahia. *Bioscience Journal*, 30(3).

USDA. United States Department of Agriculture. *World agricultural production*. Recuperado de <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>.

Vogt, G. A., Júnior, A. A. B., & de Souza, A. M. (2010). Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. *Scientia Agraria*, 11(4), 307-315.

Vogt, G. A., Junior, A. A. B., & de Souza, A. M. (2012). Divergência fenotípica em genótipos de girassol. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 11(1), 26-34.

Porcentagem de contribuição de cada autor no manuscrito

Victor Rafael Siqueira Correa – 30%

Taniele Carvalho de Oliveira – 15%

Altacis Junior de Oliveira – 15%

Marco Antonio Aparecido Barelli – 10%

Valvenarg Pereira da Silva – 10%

Carla Galbiati – 10%

Juliana Parisotto Poletine – 10%