

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE GIRASSOL NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL

GENETIC DIVERSITY IN SUNFLOWER GENOTYPES IN THE BRAZILIAN SAVANNA AT DISTRITO FEDERAL

ANA PAULA LEITE MONTALVÃO¹, PEDRO IVO AQUINO LEITE SALA², RICARDO MENESES SAYD², RENATO FERNANDO AMABILE³, FELIPE AUGUSTO ALVES BRIGE³, CARLOS HENRIQUE PATRIOTA MOURA⁴, CLÁUDIO GUILHERME PORTELA DE CARVALHO⁵, MARCELO FAGIOLI², NARA OLIVEIRA SILVA SOUZA²

¹University of Goettingen, Faculty of Agricultural Sciences, Grisebachstrasse, 6, 37077, Goettingen, Alemanha, email: anapaulalmbrbsb@gmail.com;

²Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Veterinária, Brasília, DF; ³Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, 73301-970 Planaltina, DF; ⁴União Pioneira da Integração Social, Brasília, DF; ⁵Embrapa Soja, Londrina PR

Resumo

O objetivo desse trabalho foi estimar a diversidade genética em seis genótipos de girassol no Cerrado do Distrito Federal. Os experimentos foram realizados em 2016, em três estações experimentais no Cerrado do Distrito Federal (Embrapa Cerrados – CPAC; Embrapa Produtos e Mercado – SPM e Fazenda Água Limpa da Universidade de Brasília – UnB), avaliando os caracteres: rendimento de grãos, tamanho de capítulo, peso de mil aquênios, altura de plantas e dias para floração inicial. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Foi realizado o agrupamento UPGMA usando a distância generalizada de Mahalanobis, através do software Genes. A contribuição relativa para divergência genética foi realizada conforme o método de Singh. Os resultados apresentaram maior contribuição dos caracteres peso de mil aquênios e dias para floração inicial para dissimilaridade genética no CPAC e SPM, ao passo que esses mesmos caracteres apresentaram as menores proporções de contribuição na UnB. A distância generalizada de Mahalanobis permitiu identificar similaridade entre os genótipos avaliados. Os genótipos mais semelhantes foram BRS G48 e o BRS G35, no CPAC e na UnB, enquanto que no SPM, foram o SYN 045 e BRS G35. Baseada nas características agrônomicas e nas análises utilizadas, verificou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos de girassol avaliados.

Palavras-chave: *Helianthus annuus* L., variabilidade genética, melhoramento vegetal

Abstract

The aim of this study was to estimate the genetic diversity in six genotypes of sunflower in the Brazilian Savanna at Distrito Federal. The field trials were carried out in 2016, in three experimental stations in the Brazilian Savanna at Distrito Federal (Embrapa Cerrados – CPAC;

Embrapa Produtos e Mercado – SPM e Fazenda Água Limpa da Universidade de Brasília – UnB), evaluating the traits: grain yield, chapter length, weight of thousand seeds, plant height and days to start flowering. The experimental design was randomized blocks with four repetitions. A cluster analysis was performed by UPGMA using the generalized distance of Mahalanobis, with the aid of the software Genes. The Relative contribution for genetic divergence was performed according to the Singh method. The results showed a greater contribution of the traits weight of thousand seeds and days to start flowering for the genetic dissimilarity at CPAC and SPM, whereas these same traits exhibited lower proportions of contribution at UnB. The generalized distance of Mahalanobis allowed identifying the similarity among the evaluated genotypes. The most similar genotypes were BRS G48 and BRS G45 at CPAC and UnB, whereas at SPM were between SYN 045 and BRS G35. Based on the agronomic traits and the used analysis, it showed the existence of genetic variability among the evaluated genotypes of sunflower.

Key-words: *Helianthus annuus* L., genetic variability, plant breeding.

Introdução

O girassol (*Helianthus annuus* L.) está entre as oleaginosas mais produzidas mundialmente. Essa cultura possui grande potencial para estabelecer sistemas diversificados. No Brasil, o cultivo do girassol tem se expandido em todas as regiões, com grande potencial de expansão no Centro-Oeste como cultura de safrinha (Amabile et al., 2002). Através da distância generalizada de Mahalanobis é possível considerar as correlações entre os caracteres analisados. Em seguida, através da matriz é possível utilizar um método de agrupamento para visualizar e interpretar as distâncias. O objetivo desse trabalho foi estimar a diversidade genética em genótipos

de girassol no Cerrado do Distrito Federal pelo método de agrupamento UPGMA utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos em 2016, em três locais no Cerrado do Distrito Federal: no Campo Experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, estabelecida a 15°35'30" de latitude S, 47°42'30" de longitude O e altitude de 1.007 m; na área experimental da Embrapa Produtos e Mercado, no Recanto das Emas-DF, a 15°54'53" de latitude S e 48°02'14" de longitude O, em uma altitude de 1.254 m; na Fazenda Experimental e Estação Ecológica da Universidade de Brasília (UnB), Fazenda Agua Limpa (FAL), DF, localizada a 15°56'00" latitude S e 47°55'00" longitude O e altitude média de 1100 m.

O delineamento experimental foi blocos ao acaso com quatro repetições. Os seis genótipos de girassol analisados foram BRS G48, M734, SYN 045, BRS G35, MULTISSOL e BRS G47. Os caracteres agrônômicos avaliados foram 1. Rendimento de grãos – REND (kg ha⁻¹); 2. Tamanho do capítulo – TC (cm); 3. Peso de mil aquênios – PMA (g); 4. Altura de plantas – ALT (cm); 5. Dias de floração inicial – DFI (dias).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância. A contribuição relativa para a diversidade genética foi estimada conforme o método de Singh (1981) e para a análise de dissimilaridade genética, foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) a partir das médias dos genótipos e na delimitação dos grupos, o *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2007).

Resultados e Discussão

Os resultados apresentados nas Tabelas 1, 2 e 3 representam a importância relativa (S_j) de divergência genética entre os genótipos nos três ambientes estudados.

No ambiente da Embrapa Cerrados (CPAC), observa-se que os caracteres DFI (51,90%) e PMA (27,20%) apresentaram as maiores contribuições para a divergência genética entre os genótipos (Tabela 1). Similarmente, na Embrapa Produtos e Mercado (SPM), as características PMA (40,79%) e DFI (22,14%), seguidos

de REND (27,22%) foram as que mais contribuíram para a divergência genética (Tabela 2). Por outro lado, a característica TC exibiu a menor proporção na contribuição para divergência genética nos dois locais (1,17% no CPAC e 0,31% no SPM). Em contrapartida, na UnB, a característica com a maior contribuição para dissimilaridade entre os genótipos foi ALT (61,27%), enquanto que DFI (3,17%) e PMA (6,55%) foram as que menos contribuíram (Tabela 3).

Esses resultados demonstram que a contribuição relativa das características para a divergência genética entre genótipos pode sofrer alterações em relação ao ambiente (Chambó et al., 2014). Em outras palavras, possíveis variações (altitude, solo, sistema de cultivo), podem influenciar a proporção em que os caracteres influenciam a divergência genética entre os genótipos avaliados.

As matrizes da distância genética entre os genótipos evidenciaram a variabilidade existente entre os genótipos estudados (Tabelas 4, 5 e 6). Considerando a distância de Mahalanobis (D^2), nos ambientes CPAC e SPM, a maior distância genética entre os genótipos, baseado nos caracteres agrônômicos foram SYN 045 ($D^2 = 141,60$) e MULTISSOL ($D^2 = 328,85$). E na UnB, o M734, e o BRS G47 mostraram a maior distância ($D^2 = 206,36$) em comparação com os outros. Com as menores estimativas de distância estão o BRS G48 e o BRS G35 ($D^2 = 7,04$ e $8,26$ respectivamente), no CPAC e na UnB, enquanto que no SPM, foram o SYN 045 e BRS G35 ($D^2 = 108,44$).

Considerando o agrupamento UPGMA, nos três ambientes, observam-se dois grupos, sendo o primeiro composto pelos genótipos BRS G35, MULTISSOL, BRS G48 e M734. E no segundo grupo SYN 045 e BRS G47.

Conclusão

Baseada nas características agrônômicas e nas análises utilizadas, verificou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos de girassol avaliados. A contribuição dos caracteres para explicar a dissimilaridade genética entre os genótipos apresentou diferenças entre os ambientes avaliados. A distância generalizada de Mahalanobis permitiu identificar similaridade entre os genótipos avaliados.

Referências

- AMABILE, R. F.; FERNANDES, F. D.; SANZONOWICZ, C. **Girassol como alternativa para o sistema de produção para o cerrado**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2002. 2p. (Embrapa Cerrados. Circular Técnica, 20).
- CHAMBÓ, E. D.; CORREIA, A. F.; CUNHA, F. da; GARCIA, R. C.; OLIVEIRA, N. T. E. de; VASCONCELOS, E. S. de; SILVA, N. L. S. da. Análise de agrupamento de genótipos de girassol cultivados em condição de polinização livre e restringida. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 13, n. supl., p.323-328, 2014.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows 2007. Viçosa: UFV, 2007. v. 1. 442 p.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic diversity. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.

Tabela 1. Contribuição relativa de genótipos de girassol analisados em relação a diversidade genética conforme método de Singh. Embrapa Cerrados (CPAC). 2016

Característica	S.j	S.j (%)
REND	99,63	9,43
TC	12,43	1,17
PMA	287,35	27,20
ALT	108,82	10,30
DFI	548,37	51,90

REND – Rendimento de grãos (kg ha⁻¹); TC – Tamanho de capítulo (cm); PMA – Peso de mil aquênios (g); ALT – Altura de plantas (cm); DFI- Dias para floração inicial.

Tabela 2. Contribuição relativa de genótipos de girassol analisados em relação a diversidade genética conforme método de Singh. Embrapa Produtos e Mercado (SPM). 2016

Característica	S.j	S.j (%)
REND	778,42	27,22
TC	8,80	0,31
PMA	1166,70	40,79
ALT	272,74	9,54
DFI	633,30	22,14

REND – Rendimento de grãos (kg ha⁻¹); TC – Tamanho de capítulo (cm); PMA – Peso de mil aquênios (g); ALT – Altura de plantas (cm); DFI- Dias para floração inicial

Tabela 3. Contribuição relativa de genótipos de girassol analisados em relação a diversidade genética conforme método de Singh. Área Experimental e Estação Ecologia da Universidade de Brasília (UnB). 2016.

Característica	S.j	S.j(%)
REND	171,13	15,62
TC	146,63	13,39
PMA	71,79	6,55
ALT	671,18	61,27
DFI	34,71	3,17

REND – Rendimento de grãos (kg ha⁻¹); TC – Tamanho de capítulo (cm); PMA – Peso de mil aquênios (g); ALT – Altura de plantas (cm); DFI- Dias para floração inicial

Tabela 4. Medidas de dissimilaridade genética entre seis genótipos de girassol cultivados na Área Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC) no Cerrado no Distrito Federal, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Genótipos	BRS G48	M734	SYN 045	BRS G35	MULTISSOL
M734	29,1196				
SYN 045	20,0472	35,21			
BRS G35	7,04191	29,1725	32,811		
MULTISSOL	140,176	45,7825	141,606	125,48	
BRS G47	131,828	55,4838	130,977	96,5607	35,3196

Tabela 5. Medidas de dissimilaridade genética entre seis genótipos de girassol cultivados na Área Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM) no Cerrado no Distrito Federal, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Genótipos	BRS G48	M734	SYN 045	BRS G35	MULTISSOL
M734	195,86				
SYN 045	248,255	131,016			
BRS G35	194,295	152,824	108,444		
MULTISSOL	122,756	118,116	328,856	164,553	
BRS G47	218,796	275,348	316,424	160,423	123,993

Tabela 6. Medidas de dissimilaridade genética entre seis genótipos de girassol cultivados na Área Experimental e Estação Ecologia da Universidade de Brasília (UnB) no Cerrado no Distrito Federal, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Genótipos	BRS G48	M734	SYN 045	BRS G35	MULTISSOL
M734	36,9998				
SYN 045	23,2961	95,5953			
BRS G35	8,262	46,5004	13,7867		
MULTISSOL	38,449	80,626	19,0624	23,0192	
BRS G47	148,211	206,365	111,475	143,822	99,9697