10º FEPEG FÓRUM ENSINO · PESQUISA EXTENSÃO · GESTÃO
RESPONSABILIDADE SOCIAL: INDISSOCIABILIDADE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA
Realização: Unimontes, Secretaria de Desenvolvimento Econômico, Ciência, Tecnologia e Ensino Superior, Minas Gerais
Apoio: FAPEMIG, FADENOR
ISSN 1806-549 X

Autor(es): DANIEL PEREIRA SOARES, SIRLENE LOPES DE OLIVEIRA, THAISA APARECIDA NERES DE SOUZA, PALOMA LEITE GOMES, AROLDO GOMES FILHO, LARISSA MOREIRA CHAGA, GEOVANA GONÇALVES SILVA

Dissimilaridade genética e importância dos caracteres morfoagronômicos em genótipos de girassol cultivados sob déficit hídrico no Norte Mineiro

Introdução

O girassol (*Helliantus annus* L.) é uma dicotiledônea anual e é pertencente à família Asteraceae. Para Ungaro (2006), a cultura apresenta características interessantes ao produtor, como a tolerância a seca, ao frio e ao calor em relação a outras espécies cultivadas no Brasil, além de se adaptar a largas faixas edafoclimáticas, sendo pouco influenciada pela latitude, longitude e pelo fotoperíodo, tendo em vista o crescimento na indústria de produção de biodiesel. Porto et al. (2007) ainda enfatizam a utilização dos aquênios na fabricação de ração animal e extração de óleo de alta qualidade para o consumo humano.

Os programas de melhoramento genético concentram suas pesquisas no desenvolvimento de materiais mais produtivos e adaptados aos mais variados ambientes, mesmo em manejos com poucos recursos tecnológicos, como o sistema de cultivo sob déficit hídrico garantindo que produtores que dispõem de poucos recursos, tenham ganhos produtivos consideráveis. Rotili et al (2012) asseguram que o estudo da divergência genética possibilita a escolha de genitores que quando cruzados, forneçam maior efeito heterótico na progênie, aumentando a probabilidade na obtenção de genótipos superiores.

Elias et al (2007) afirmam que as características morfológicas e seu respectivo estudo, por meio de métodos da estatística multivariada possibilita estimar a dissimilaridade genética dentro de um conjunto de cultivares disponíveis. Essas estimativas são realizadas aos pares e apresentados em uma matriz simétrica facilitando o emprego de agrupamentos, no qual se destina a separar um grupo original em subgrupos, de modo que dentro dos grupos se apresentem homogeneidade e fora deles, heterogeneidade (Bertan, 2006).

A análise de importância de caracteres classifica variáveis de acordo com a sua contribuição para a diversidade genética, e identifica aquelas que menos contribuem, sendo indicado para estas seu descarte em estudos futuros. Deste modo, o presente trabalho objetiva identificar caracteres agronômicos que contribuem para a divergência genética em diferentes genótipos de girassol cultivados em sistema de cultivo de sequeiro no Norte de Minas Gerais.

Material e métodos

O trabalho foi realizado na área experimental do IFNMG – Campus Januária, sendo implantados treze genótipos de girassol, pertencente ao ensaio nacional de genótipos de girassol da Embrapa Soja. Os genótipos avaliados são M 734(T), SYN 045(T), SYN 050A, BRS G40, BRS G37, BRS G44, BRS G45, BRS G46, BRS 47, BRS G48, BRS G49, BRS G50 e BRS G51.

O preparo do solo foi realizado com uma grade aradora pesada, seguida de uma niveladora. A adubação de plantio foi realizada segundo as recomendações da Embrapa, sendo 30 kg de N/ha, 80 kg de P2O5/ha e, 80 kg de K2O/ha, e aos 25 dias após a emergência foi realizada uma adubação de cobertura com 30 kg de N/ha e 2 kg de Boro/ha via solo. O plantio foi realizado em parcelas de 16,8 m^2 com 4 linhas de plantio de 6 m de comprimento. Utilizou-se o espaçamento de 0,7 m entre linhas e 0,3 m entre covas, totalizando 21 covas/linha, sendo plantadas 2 sementes por cova. Foi empregado o Delineamento de Blocos Casualizados com 4 repetições. Considerou-se como área útil da parcela as duas linhas centrais, excluindo-se 0,50 m de cada extremidade. Foram avaliadas as características: Stand (STD), Altura de Planta (AP), Data da Floração Inicial (DFI), Data da Maturação Fisiológica (DMF), Curvatura do Capítulo (CC), Tamanho do Capítulo (TC), Número de Plantas Acamadas (NPA), Número de Plantas Quebradas (NPQ), Peso de 1000 Aquênios e Produção (PROD).

A análise estatística foi realizada utilizando o programa Genes (Cruz, 2013), onde os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e posteriormente, com a obtenção da matriz de médias empregou-se métodos multivariados, como a estimativa da divergência genética baseada na distância de Mahalanobis e aplicado o agrupamento de Tocher, seguido do critério de Singh (SINGH, 1981) a fim de caracterizar a contribuição relativa das variáveis estudadas na dissimilaridade entre os genótipos.

Resultados e discussão

O método de otimização de Tocher possibilitou a formação de três grupos (tabela 1), tendo como base a semelhança entre os genótipos, de acordo com as características avaliadas. O primeiro grupo se mostrou maior, no qual obteve 11 genótipos, sendo eles: BRS G40, BRS G51, BRS G37, BRS G45, BRS G44, SYN 050A, BRS G48, SYN 045 (T), M

ISSN 1806-549 X

734(T), BRS G47, BRS G49. O segundo e o terceiro grupo captaram apenas um genótipo cada, sendo estes formados pelos genótipos BRS G46 e BRS G50 respectivamente.

Verifica-se na tabela 2, que o caractere AP se mostrou mais sensível para proporcionar a dissimilaridade entre as cultivares, tendo 24% de contribuição, através da análise seguindo o critério de Singh. Rigon et al (2012) verificaram contribuições da ordem de 14 e 21% para Altura de Planta em dois ambientes distintos de avaliação. De acordo com Arshad et al. (2007) esse caractere se mostra como um dos mais importantes nos programas de melhoramento, pois se correlacionam indiretamente com rendimento de grãos e óleo.

A variável PMA é a segunda variável que mais contribuiu para a formação da divergência genética entre os genótipos, apresentando 20,58% de contribuição, seguida pela variável DMF com 15,26%.

O caractere NPQ se apresentou com a menor contribuição, indicando apenas 0,32%, seguido pelo caractere TC, onde se apresenta com apenas 2,14%. Tais resultados possibilitam inferir que estes caracteres não são representativos para a determinação da divergência genética entre os genótipos estudados, direcionando para estudos futuros mais objetivos.

Conclusão

Houve pouca distância genética entre os materiais testados, devido à formação de poucos grupos, e muitos genótipos dentro do mesmo grupo.

A variável AP se destaca por apresentar maior contribuição na divergência genética;

A variável NPQ não é representativa na análise de dissimilaridade para os materiais testados.

Agradecimentos

Ao IFNMG – Campus Januária pela concessão da área experimental, à Fapemig pela concessão de bolsa de IC e á Embrapa Soja pelo fornecimento de materiais avaliados.

Referências bibliográficas

ARSHAD, M. et al. Genetic divergence and path coefficient analysis for seed yield in sunflower (Helianthus annuus) hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, v.39, n.6, p.2009-2015 2007.

BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

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

ELIAS, H. T. et al. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.

NASCIMENTO, Walnice Maria Oliveira et al. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Ceres**, v. 61, n. 4, 2015.

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, João Paulo Gonsiorkiewicz et al. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, v. 42, n. 11, p. 1954-1959, 2012.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.1, p.237-245, 1981.

UNGARO, M.R.G. **Potencial da cultura do girassol como fonte de matéria-prima para o Programa Nacional de Produção e Uso do Biodiesel**. In: UNGARO, M.R.G. Agronegócio de plantas oleaginosas: matérias-primas para biodiesel. Piracicaba: ESALQ, 2006. p. 57-80.

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.

ISSN 1806-549 X

Tabela 1. Agrupamento por meio do método de Tocher em genótipos de girassol cultivados sob déficit hídrico no município de Januária.

Grupo	Genótipos
1	BRS G40, BRS G51, BRS G37, BRS G45, BRS G44, SYN 050A, BRS G48, SYN 045 (T), M 734(T), BRS G47, BRS G49
2	BRS G46
3	BRS G50

Tabela 2. Análise de contribuição relativa para caracteres quantitativos de diferentes genótipos de girassol, cultivados sob déficit hídrico, no município de Januária – MG.

VARIÁVEL	S.j	VALOR em %
STD	182.62837	6.7358
DFI	175.639315	6.478
DMF	413.612338	15.2551
AP	653.85865	24.116
CC	183.581114	6.771
TC	57.885053	2.135
NPA	348.232457	12.8437
NPQ	8.6568	0.3193
REND	129.114617	4.7621
PMA	558.093113	20.584

S.j: contribuição na divergência genética de cada variável