

DISSIMILARIDADE FENOTÍPICA EM GENÓTIPOS DE GIRASSOL CULTIVADOS NO NORTE DE MINAS GERAIS, SAFRA 2021/2022

GUEDES, R. M.¹.; CASTRO, P. I. P.¹.; SALES, T. E. C.².; MONTEIRO, A. L. M.³.; MOTA, S. B. O.³.; GOMES FILHO, A.⁴

¹Discente do curso Bacharelado em Agronomia do IFNMG – campus Januária; ² Discente do curso técnico em Agropecuária do IFNMG – campus Januária; ³ Egresso do IFNMG – campus Januária; ⁴Docente do IFNMG – campus Januária;.

Palavras chaves: Agrupamento; *Helianthus annuus*; Melhoramento genético; Variabilidade

Introdução

O girassol se apresenta como uma cultura promissora por conta de sua ampla adaptabilidade e excelência na qualidade do óleo. Estas características favoráveis são resultado de programas de melhoramento genético a qual tem buscado desenvolver genótipos cada vez mais adaptados às regiões e em potencial produtivo (Dalchiavon et al., 2016). Para tal, há a necessidade de adequá-lo aos diferentes sistemas de produção, sendo necessários programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de genótipos que apresentem, conjuntamente, alto teor de óleo, ciclo precoce, porte reduzido, além de alto potencial produtivo (OLIVEIRA et al., 2005).

Com o intuito de melhorar o potencial produtivo das cultivares existentes, tem se a necessidade de identificar grupos de genótipos que apresentem características agrônômicas desejáveis e maior grau de distância genética, com maior heterogeneidade entre si, para que consequentemente se obtenha híbridos com maior vigor (RIGON et al., 2012). Objetivou-se com este trabalho caracterizar a distância genética existente em quatorze genótipos de girassol cultivados no município de Januária/MG, safra 2021/2022, por meio de variáveis quantitativas.

Material e métodos /Metodologia

O trabalho foi realizado na área experimental do IFNMG - Campus Januária/MG. Nestas condições, quatorze genótipos de girassol foram avaliados, a saber: BRS 323, Aguará 06 e Hélio 250 as quais foram as testemunhas do experimento; e os genótipos BRS G62, BRS G63, BRS G64, BRS G65, BRS G66, BRS G67, BRS G68, BRS G69, BRS G70, BRS G71 e BRS G72, os quais são provenientes do Ensaio Nacional de genótipos de girassol provenientes da Embrapa Soja – Londrina/PR.

O experimento foi desenvolvido no período de 04 de novembro de 2021 a 26 de fevereiro de 2022. O preparo do solo foi realizado convencionalmente, com uma aração e duas gradagens, e abertura de sulcos manualmente. A adubação foi realizada aplicando-se 40 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de K₂O e 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅ no sulco de plantio, e aos 25 dias após emergência foram aplicados 30 kg ha⁻¹ de N e 2 kg ha⁻¹ de Boro via solo.

O espaçamento adotado foi o de 50 cm entre linhas e 43 cm entre plantas, conforme recomendação da Embrapa – Soja. Foram semeadas manualmente três sementes por cova, sendo que aos sete dias após a emergência, foi realizado o desbaste. A parcela experimental teve as dimensões de 6 m de comprimento e 2 m de largura, com quatro linhas de plantio, sendo desprezadas duas linhas externas, assim como 0,50 m de cada extremidade a título de bordadura. Foram avaliadas as seguintes

características: Stand de plantas (STD), Altura de planta (AP), Curvatura do caule (CC), Tamanho do capítulo (TC), Peso de mil aquênios (PMA) e Produtividade de aquênios (PROD).

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados e quatro repetições. Depois de processados os dados e com a obtenção da matriz de médias empregou-se métodos de 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. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa genes (CRUZ, 2013).

Resultados e discussão

Com base na análise da divergência genética formada pelo método de Tocher (tabela 1), observa-se que houve a formação de dois grupos, sendo o primeiro formado pelos genótipos BRS G62, BRS G64, BRS 323, BRS G63, BRS G71, BRS G69, BRS G65, BRS G70, BRS G67, BRS G72, BRS G68 e BRS G66. O segundo agrupamento foi formado pelos genótipos Aguará 06 e Hélio 250.

Considerando que houve a formação de dois grupos, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre os genótipos avaliados, sendo possível identificar características agrônomicas complementares que podem ser utilizadas em esquemas de hibridação com o objetivo de incorporar as características favoráveis para obtenção de novas linhagens. Foi observado que a testemunha BRS 323 se enquadrou no primeiro grupo com os demais genótipos avaliados, sofrendo distanciamento da base genética. Entretanto o fato de que as testemunhas Aguará 06 e Hélio 250, as quais são cultivares comerciais, terem se reunido em um mesmo grupo, reforça a ideia de que as mesmas sofreram estreitamento da base genética ao longo do processo de melhoramento, o que dificulta o processo de desenvolvimento de novos materiais.

De acordo com os resultados da análise de contribuição relativa (tabela 2), observa-se que a variável produtividade foi a que mais contribuiu para a divergência fenotípica dos genótipos, com 99,2% de participação. Por outro lado, as variáveis que menos contribuíram para caracterização da distância genética foram a curvatura de caule, tamanho de capítulo e estande, admitindo valores de 0,0002, 0,0043 e 0,0157%, respectivamente.

Conclusão(ões)/Considerações finais

Pela formação de dois agrupamentos de genótipos, conclui-se que existe variabilidade entre os genótipos avaliados, sendo possível de indicação para posteriores estudos e seleção em futuros programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao IFNMG – Campus Januária, pelo apoio financeiro através da bolsa PIBIC, pela concessão da área experimental e recursos necessários para a condução do experimento. E a Embrapa soja – PR pelo fornecimento dos materiais genéticos avaliados e informações necessárias para desenvolvimento do trabalho.

Referências

- 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
- DALCHIAVON, Flávio C.; MALACARNE, Bruno J.; DE CARVALHO, Claudio GP. Características agrônomicas de genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) em segunda safra no Chapadão do Parecis-MT. *Revista de ciências agrárias*, v. 39, n. 1, p. 178-186, 2016.
- OLIVEIRA, M. F.; CASTIGLIONI, V. B. R.; CARVALHO, C. G. P. Melhoramento do girassol. In: LEITE, R. M. V. B.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. (Eds.). *Girassol no Brasil Londrina: Embrapa Soja*, 2005. p. 269-297.
- 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.

ANEXO I

Tabela 1: Agrupamento por meio do método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis em genótipos de girassol cultivados no município de Januária-MG. Safra 2021/2022

Grupos	Genótipos
1	BRS G62, BRS G64, BRS 323, BRS G63, BRS G71, BRS G69, BRS G65, BRS G70, BRS G67, BRS G72, BRS G68, BRS G66
2	Aguará 06, Hélio 250

Tabela 2: Análise de contribuição relativa para caracteres quantitativos de diferentes genótipos de girassol, no município de Januária/MG. Safra 2021/2022.

Variável	S.J	S.J%
STD	2127.56	0,0157
AP	82052.25	0.6055
CC	27.0625	0,0002
TC	578.75	0,0043
PMA	21980.65	0,1622
PROD	13443475.25	99,2121

S.j: contribuição na divergência genética de cada variável