



## ANÁLISE UNI E MULTIVARIADA NA DETECÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM GIRASSOL.<sup>1</sup>

*Diogo Vanderlei Schwertner<sup>2</sup>, João Augusto Kinalski Martins<sup>3</sup>, Fernando Gaviraghi<sup>4</sup>, Tânia Cristina Mattioni<sup>5</sup>, Cristiano Fontaniva<sup>6</sup>, Edegar Matter<sup>7</sup>, Diovani Antonow<sup>8</sup>, Roberto Carbonera<sup>9</sup>, Cleusa Adriane Menegassi Bianchi Krüger<sup>10</sup>, José Antonio Gonzalez da Silva<sup>11</sup>. UNIJUI*

**INTRODUÇÃO:** O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma espécie rica em proteínas, utilizada como planta ornamental, medicinal, rotação de culturas, adubação verde, apícola, semente para pássaros, forrageira, farelo, óleo e biodiesel. Os genótipos de girassol em cultivo no Brasil têm origem em programas de melhoramento com objetivos distintos. No Brasil, visam selecionar constituições genéticas precoces, cultivadas durante a entressafra das grandes culturas e na Argentina, genótipos de ciclo médio a longo, pois neste país é cultivado como cultura principal. É imprescindível para avanços no melhoramento genético existência de variabilidade genética, permitindo a formação de novos híbridos ou variedades. Para quantificar a variabilidade genética existente, se avaliam caracteres como os componentes do rendimento, morfológicos, adaptativos ou fisiológicos. O objetivo do trabalho foi quantificar a variabilidade genética de genótipos de girassol provenientes de diferentes programas de melhoramento identificando características agrônômicas que contribuem significativamente para esta variabilidade. **MATERIAL E MÉTODOS:** Foi conduzido um experimento no Instituto Regional de Desenvolvimento Rural (IRDeR)/UNIJUI, localizado no município de Augusto Pestana-RS, durante o ano agrícola de 2008/2009. Foram avaliados 24 genótipos de girassol, em delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições. Os genótipos foram semeados no mês de setembro em parcelas com 4 linhas de 6 m de comprimento, espaçadas de 0,8 m entre linhas e 0,3 m entre plantas. Os caracteres analisados foram: 1. Dias da emergência a floração (DEF, em dias); 2. Número de folhas na floração (NFF, em nº); 3. Dias da floração a maturação fisiológica (DFM, em dias); 4. Dias da emergência a maturação fisiológica (DEM, em dias); 5. Estatura de plantas (EST, em cm); 6. Curvatura do capítulo (CC, em °). 7. Rendimento biológico por planta (RBP, em g planta); 8. Rendimento biológico (RB, em kg ha<sup>-1</sup>); 9. Massa de capítulo (MC, em g capítulo); 10. Diâmetro total do capítulo (DTC, em cm); 11. Diâmetro infértil do capítulo (DIC, em cm); 12. Número de grãos por capítulo (NGC, em nº); 13. Massa de grãos do capítulo (MGC, em g); 14. Índice de colheita da planta (ICP); 15. Índice de colheita do capítulo (ICC); 16. Massa de mil grãos (MMG, em g) e; 17. Rendimento de grãos (RG, em kg ha<sup>-1</sup>). Os dados foram submetidos a análise de variância, comparação de médias pelo teste de SCOTT & KNOTT. Foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis e Tocher, para os genótipos e caracteres avaliados, o critério de SINGH foi utilizado para identificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, utilizando o programa computacional Genes. **RESULTADOS E DISCUSSÃO:** Foram detectadas através da análise de variância diferenças estatísticas para todos os caracteres testados. Os valores mínimos e máximos de cada variável indicam amplitude considerável de expressão, o que levanta a hipótese da variabilidade genética



existente nos caracteres testados. Pela distância genética por Tocher e o dendrograma de distância genética por Mahalanobis cinco grandes grupos distintos foram formados, que diferem quanto a variabilidade genética, permitindo estabelecer que a obtenção de cruzamentos entre os genótipos dos diferentes grupos pode favorecer a incorporação de caracteres favoráveis de cada genitor em uma mesma população, ou a obtenção de novas linhagens. A maior contribuição para a variabilidade genética total foi conferida pelos caracteres DEF, DEM e DFM entre os genótipos testados. **CONCLUSÕES:** Existe variabilidade genética entre os 24 genótipos de girassol avaliados para os caracteres estudados, permitindo a seleção de genótipos superiores em populações segregantes ou linhagens obtidas a partir da hibridação. Os caracteres dias da emergência floração e dias da emergência a maturação contribuíram com a maior parte da variabilidade genética existente.

- 1 Trabalho de conclusão de curso de graduação em agronomia
- 2 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí.
- 3 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí
- 4 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí
- 5 Aluna do curso de graduação em agronomia da Unijuí.
- 6 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí.
- 7 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí.
- 8 Aluno do curso de graduação em agronomia da Unijuí.
- 9 Professor Mestre do departamento de estudos agrários da Unijuí.
- 10 Professora Mestre do departamento de estudos agrários da Unijuí.
- 11 Professor Doutor do departamento de estudos agrários da Unijuí, orientador.