



Ciência Rural

ISSN: 0103-8478

cienciarural@mail.ufsm.br

Universidade Federal de Santa Maria  
Brasil

Gonsiorkiewicz Rigon, João Paulo; Capuani, Silvia; Cherubin, Mauricio Roberto; da Rosa, Genesio  
Mario; Wastowski, Arci Dirceu

Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos

Ciência Rural, vol. 42, núm. 11, novembro, 2012, pp. 1954-1959

Universidade Federal de Santa Maria

Santa Maria, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33124571004>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

## Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos

### Agronomic performance and genetic dissimilarity sunflower

João Paulo Gonsiorkiewicz Rigon<sup>I\*</sup> Silvia Capuani<sup>I</sup> Mauricio Roberto Cherubin<sup>II</sup>  
Genesio Mario da Rosa<sup>III</sup> Arci Dirceu Wastowski<sup>III</sup>

#### RESUMO

Objetivou-se com este estudo avaliar, por meio de caracteres quantitativos, a dissimilaridade genética entre cultivares de girassol em diferentes localidades, além da concordância entre os métodos, visando à extração de linhagens para possíveis cruzamentos. Foram cultivados oito híbridos de girassol em duas localidades no noroeste do Rio Grande do Sul, com solo predominantemente do tipo Latossolo Vermelho distrófico. Foram utilizados métodos multivariados para determinar a divergência genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis. Apesar dos rendimentos distintos entre locais e cultivares, os métodos de agrupamento tiveram concordância entre si. Para obtenção de populações segregantes, a cultivar 'Olisun 5', independente da localidade, demonstrou-se com maior potencial de hibridação, tendo as maiores contribuições por meio do número de aquênios por capítulo e altura de inserção do capítulo.

**Palavras-chave:** agrupamento, divergência genética, *Helianthus annuus*.

#### ABSTRACT

The aim of this study to evaluate by means of quantitative traits, the genetic dissimilarity among sunflower cultivars in different locations, in addition to the agreement between the methods in order to extract lines for future crosses. There were eight sunflower hybrids grown in two locations in northwestern Rio Grande do Sul, mainly with soil type Oxisol. Multivariate methods were used to determine the genetic diversity, using the Mahalanobis distance. Although the different yield between locations and cultivars, methods of grouping

agreed among them selves. To obtain segregating populations, regardless of location, the cultivate 'Olisun 5', demonstrated greater potential for hybridization, with major contributions through number of achenes per chapter and height of the insertion section.

**Key words:** genetic divergence, *Helianthus annuus*, cluster.

#### INTRODUÇÃO

A cultura do girassol (*Helianthus annuus*) está entre as principais oleaginosas cultivadas no mundo, com produção de 30,5 milhões de toneladas, embora a produtividade média de aquênios ainda seja baixa, com 1,35Mg ha<sup>-1</sup>, e próximo à produtividade média brasileira de 1,25Mg ha<sup>-1</sup> na safra 2010/2011 (FAOSTAT, 2012). Todavia, tem-se observado bom retorno econômico no cultivo do girassol, principalmente na "safrinha", permitindo melhor adequação e utilização dos recursos disponíveis, adequando-os no sistema de produção e assim viabilizando o cultivo pela rentabilidade (LAZZAROTTO et al., 2005).

A base genética da cultura do girassol estreitou-se muito, devido a vários anos de seleção e domesticação que reduziu sua diversidade, quando equiparado aos materiais selvagens (NOORYAZDAN

<sup>I</sup>Programa de Pós-graduação em Agronomia, Departamento de Produção Vegetal, Faculdade de Ciências Agrônomicas (FCA), Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Rua José Barbosa de Barros, 1780, CP 237, 18610-307, Botucatu, SP, Brasil. E-mail: jprigon@fca.unesp.br. \*Autor para correspondência.

<sup>II</sup>Programa de Pós-graduação em Agronomia, Centro de Educação Superior Norte do Rio Grande do Sul (CESNORS), Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Frederico Westphalen, RS, Brasil.

<sup>III</sup>CESNORS, UFSM, Frederico Westphalen, RS, Brasil.

et al., 2011). A domesticação do girassol passou por variada e complexa evolução, sendo os impactos desses eventos na seleção da cultura inexplorados sobre a diversidade existente no pool genético (MANDEL et al., 2011). Muitos pesquisadores acreditam que os fenômenos de agrupamento evolutivo entre genótipos foram substancialmente menos intensos nessa cultura (FUSARI et al., 2008).

O sucesso do melhoramento vegetal depende, dentre outros fatores, da utilização de estatísticas informativas para acentuar a possibilidade de formação de genótipos superiores. A diversidade genética é analisada com intuito de prever combinações híbridas com maior efeito heterótico, discriminando híbridos geneticamente distantes (PASSOS et al., 2007). Estudos de natureza preditiva orientam combinações híbridas, economizando tempo e recursos nos projetos de melhoramento. As diferenças morfológicas, fisiológicas e produtivas são levadas em consideração para quantificar as medidas de dissimilaridade, como base nas distâncias Euclidiana e Mahalanobis (CRUZ, 2005).

A determinação do potencial produtivo das culturas interfere na adaptação em diferentes condições edafoclimáticas, tornando importante a realização de avaliações contínuas de genótipos (PORTO et al., 2009). O conhecimento desses fatores, juntamente com informações acerca da divergência genética, além de auxiliar na tomada de decisão pelo material, possibilita agilizar os programas de melhoramento (CARVALHO et al., 2001). A dissimilaridade no girassol tem sido utilizada para obtenção de novos híbridos e extração de linhagens, a partir de cultivares discriminantes, para cruzamentos entre características complementares (RAO et al., 2004; AMORIM et al., 2007).

Por meio de caracteres quantitativos, objetivou-se, com este estudo, determinar a divergência genética entre cultivares de girassol em diferentes locais, a comparação entre os métodos de agrupamento e a contribuição das variáveis mais relevantes, a fim de orientar a extração de linhagens para promissores cruzamentos.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em dois locais com solo predominantemente do tipo Latossolo Vermelho distrófico (EMBRAPA, 2006): um na área experimental da Universidade Federal de Santa Maria, *campus* de Frederico Westphalen (local 1), e outro na escola Técnica Guaramano no município de Guarani das Missões (local 2), ambos no estado do Rio Grande

do Sul, distantes entre si 300km. Os trabalhos constaram das avaliações de oito híbridos de girassol na safra 2009/2010, com intervalo de condução de dez dias, sendo a semeadura realizada no primeiro e segundo decêndio de setembro nos locais 1 e 2, respectivamente, onde o clima classificado em Cfa, mesotérmico úmido (KOPPEN, 1948).

As culturas antecessoras foram o azevém (*Lolium multiflorum* L.) e nabo forrageiro (*Raphanus sativus* L.), com 6,5Mg ha<sup>-1</sup> e 8,2Mg ha<sup>-1</sup> de massa seca, respectivamente, no primeiro e segundo experimento. A adubação foi realizada conforme análises químicas dos solos na camada 0-20cm, frente à expectativa de rendimento de aquênios de 2,6t ha<sup>-1</sup>. Os locais 1 e 2 apresentaram, respectivamente: teor de argila: 45 e 55%; pH: 5,4 e 5,2; SMP: 5,9 e 6,5; P: 4,0 e 4,5mg L<sup>-1</sup>; K: 85 e 105mg L<sup>-1</sup>; teor de MO: 2,4 e 2,6%; CTC: 15,8 e 17,54cmolc L<sup>-1</sup>; saturação de bases: 68,5 e 77,2%. Foram realizadas duas aplicações de nitrogênio em cobertura, usando a fonte de ureia na dose de 50kg ha<sup>-1</sup> (SBCS, 2004) nos estádios V4 e V6, em ambas as localidades.

O delineamento utilizado foi casualizado em blocos, com três repetições. Os tratamentos constaram dos híbridos triplos Olisun 3 e Olisun 5 (alto oleicos), híbridos simples Igrasol 827, Charrua, Aguará 3, Aguará 4 e Aguará 6 e híbrido simples modificado Igrasol 830. As parcelas foram dimensionadas com cinco metros de comprimento e oito fileiras de cultivo, espaçadas a 0,7 metros, situando acima do dimensionamento mínimo de parcelas na cultura do girassol (LORENTZ et al., 2010). O estande final foi de 45 mil plantas ha<sup>-1</sup>, sendo as avaliações realizadas em 20 plantas na área útil da parcela. As variáveis determinadas foram: altura de inserção do capítulo (ICA, em m); diâmetro do capítulo – considerando somente flores férteis (DCA, em cm); diâmetro do colo da haste (DCO, em mm); número de aquênios por capítulo (NAQ); massa de aquênios por capítulo (MAQ em g); massa de mil aquênios (M1000 em g) e produção de aquênios (PROD, em kg ha<sup>-1</sup>).

Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta ao teste *f* a 5%, considerando tratamento fixo e ano aleatório, utilizando o modelo  $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$ . Por meio de métodos multivariados, a estimativa da divergência genética foi baseada na distância de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1930). Com base na matriz de dispersão, obteve-se o dendrograma por meio de agrupamento hierárquico do tipo ligação simples de vizinho mais próximo. Foi aplicado o agrupamento de Tocher e critério de Singh (SINGH, 1981) para quantificar a contribuição dessas variáveis na dissimilaridade entre

os híbridos. O teste de correlação cofenético foi estabelecido entre a matriz de dispersão ao dendrograma, para aumentar a confiabilidade dos dados (SOKAL & ROHLF, 1969). Foi utilizado o programa Computacional Genes (CRUZ, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Constataram-se diferenças significativas dos caracteres entre os híbridos em função dos ambientes para algumas características, conforme o resumo da análise de variância (Tabela 1). Houve a possibilidade da análise conjunta, pois a razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo foi inferior a sete (CRUZ, 2005).

Na análise individual, observa-se que as variáveis ICA e MAQ foram significativas unicamente na localidade de Frederico Westphalen, e DCA em Guarani das Missões, enquanto os caracteres DCO e

PROD proporcionaram diferenças significativas em ambos os ambientes, sendo, juntamente com PROD a MAQ, com influência sob análise conjunta de genótipo sobre ambiente. Isso indica que esses caracteres são mais complexos em função da resposta distinta dos híbridos diante das variações ambientais.

Em relação à herdabilidade dos caracteres entre os ambientes, foram averiguadas as maiores porcentagens nas variáveis diâmetro do capítulo e diâmetro de colo, com 82 a 74%, respectivamente, enquanto que a produtividade apresentou 65% dos dados herdáveis entre os ambientes, assim como em massa de aquênios por capítulo. Além da herdabilidade, o coeficiente de variação genético (CVg) e a relação CVg/CVe (coeficiente de variação ambiental) são metodologias usadas para quantificar a variabilidade genética disponível na população, quando se deseja determinar o potencial para fins de melhoramento.

Tabela 1 - Quadrados médios da análise de variância individual e conjunta.

(1) Fator	GL	ICA	DCA	DCO	M1000	NAQ	MAQ	PROD
Blocos	2	0,03	0,43	1,28	19,65	30852,54	69,78	63395,67
Cultivar	7	0,13*	1,18	22,28*	41,29	68207,93	537,53*	415216,27*
Resíduo	14	0,02	3,10	5,99	93,91	48628,20	101,16	63289,60
Média		1,28	20,05	26,09	60,82	1346,97	81,15	2408,12
CV(%)		11,28	8,79	9,38	15,93	16,37	12,40	10,45
(2) Fator	GL	ICA	DCA	DCO	M1000	NAQ	MAQ	PROD
Blocos	2	0,04	0,17	3,47	188,47	15532,95	36,69	44943,81
Cultivar	7	0,05	8,05*	29,01*	117,39	734,80	153,33	187817,17*
Resíduo	14	0,07	0,90	2,44	132,77	40523,32	203,35	249106,39
Média		1,49	19,84	33,97	76,61	1154,16	87,55	2750,22
CV(%)		6,29	4,79	4,60	15,04	17,44	16,29	16,29
Conjunta	GL	ICA	DCA	DCO	M1000	NAQ	MAQ	PROD
Cultivar (C)	7	0,02	4,26	31,01*	56,85	27707,34	425,05*	197329,92*
Ambientes (A)	1	0,49*	2,42	49,88*	20,28	18187,32	831,25*	1394178,75*
(C) x (A)	7	0,01	4,21	52,00	69,77	58134,81	374,12*	523048,03*
Resíduo	14	0,02	3,17	6,22	49,64	53041,85	111,42	72350,55
Total	47	1,19	106,05	856,04	2495,06	1361668,24	7985,41	7449732,25
Média		1,38	19,83	29,30	60,17	1327,50	76,99	2578,54
CV(%)		11,52	8,98	8,51	15,71	17,35	13,71	10,43
h <sup>2</sup> %		56,96	82,04	74,20	-22,72	-10,81	62,98	65,06
CVg/CVe		0,32	0,93	0,78	0,02	0,15	0,47	0,43

\*significativos a 5% de probabilidade pelo teste F. Nota: os números (1) e (2) referem-se aos municípios de Frederico Westphalen e Guarani das Missões, respectivamente. h<sup>2</sup>: herdabilidade; CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genética e ambiental. Atributos: Inserção do Capítulo (ICA, m), Diâmetro do capítulo (DCA, cm), Diâmetro do colo da haste (DCO, mm), Massa de 1000 aquênios (M1000, g), Número de aquênios por capítulo (NAQ), Massa de aquênios por capítulo (MAQ, g) e produção de aquênios (PROD, kg ha<sup>-1</sup>).

Desse modo, o CVg dá ideia sobre a proporcionalidade do ganho em relação à média no caso de seleção, e a relação  $CVg/CVe > 1$  indica situação favorável à seleção. Dentre as variáveis, o DCAP representou bom potencial para ganhos genéticos sob seleção.

Em relação à divergência genética (Tabela 2), são verificadas as matrizes de dissimilaridade entre os híbridos de girassol, para cada localidade, com base na distância generalizada de Mahalanobis -  $D^2_{ii}$ . Podem-se observar grandes amplitudes nos distanciamentos entre híbridos, correspondendo à ampla diversidade genética em ambos os ambientes. Conforme a matriz superior (Frederico Westphalen), a maior distância foi averiguada entre os híbridos Aguará 4 e Olisun 5, com  $D^2_{ii}=70,99$ , enquanto que a menor ocorreu entre Charrua e Igrasol 827, com  $D^2_{ii}=1,52$ . No outro local, os genótipos mais distantes situam-se novamente Olisun 5, porém com Charrua ( $D^2_{ii}=23,18$ ), enquanto que os mais próximos, Aguará 3 com Igrasol 830 ( $D^2_{ii}=0,99$ ).

O agrupamento de Tocher, independentemente do ambiente, propôs a formação de três grupos, demonstrando bom grau de diversidade genética, possibilitando identificar genótipos com características agrônomicas complementares (Tabela 2). Da mesma forma, em estudo com híbridos de girassol, AMORIM et al. (2007) e VOGT et al. (2010), observaram a formação de três grupos utilizando a mesma metodologia. A distribuição dos grupos foi concordante com o distanciamento proporcionado pela matriz de Mahalanobis, tanto para os conjuntos mais similares como para os divergentes.

As dissimilaridades podem ser utilizadas em esquemas de hibridação e/ou seleção, com o objetivo de incorporar as características favoráveis em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens, a partir desses genótipos, disponibilizando maior

variabilidade no melhoramento genético da cultura do girassol (BORGES et al., 2010).

O estabelecimento de classes homogêneas com heterogeneidade entre grupos é um ponto de partida nos programas de melhoramento vegetal (CRUZ, 2005). O melhoramento com extração de linhagens a partir de cultivares melhoradas é mais favorável, pois esses materiais já possuem alta porção de locos favoráveis, além de serem outrora testados em vários ambientes (AMORIM & SOUZA, 2005).

Dentre os caracteres, o mais sensível para proporcionar a divergência entre as cultivares foi NAQ, com 50% de contribuição por meio da análise do critério de Singh (Tabela 3), realizada para estimar a contribuição relativa das variáveis. Posteriormente, o caractere ICA teve maior significância, com 14 e 21%, variando conforme o ambiente. ARSHAD et al. (2007) colocam esse caractere como um dos mais importantes no melhoramento do girassol, pois se relaciona indiretamente com rendimento de grãos e óleo. Outros caracteres como DCA, DCO e PROD pouco contribuíram para a dissimilaridade. AMORIM et al. (2007) também averiguaram contribuição significativa para altura de inserção do capítulo no girassol, com 18%, além da pequena porção entre os caracteres DCA e DCO, assim como SUBRAHMANYAM et al. (2003). RAO et al. (2004), em estudo sobre divergência entre híbridos de girassol, averiguaram também contribuição significativa dos caracteres altura das plantas e diâmetro do capítulo.

Conforme dendrograma do método hierárquico de ligação simples por vizinho mais próximo (Figura 1), na primeira localidade, as cultivares 'Aguará 4', 'Igrasol 830' e 'Charrua', demonstraram-se similares até a porção de 60%, enquanto que agruparam-se com

Tabela 2 - Medidas de dissimilaridade entre cultivares de girassol em relação aos caracteres agrônomicos, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii}$ ), em que a diagonal superior corresponde a Frederico Westphalen, RS, e a inferior a Guarani das Missões, RS.

	'Charrua'	'Igra830'	'Aguará 3'	'Olisun 5'	'Igra827'	'Aguara 4'	'Olisun3'	'Aguara6'
'Tocher'	I	I	I	III	I	II	I	I
'Charrua'	1,00	1,52	5,20	17,58	28,71	9,46	27,91	1,00
'Igra830'	20,37	1,00	47,03	57,95	29,12	2,72	28,65	30,54
'Aguará 3'	20,08	0,99	1,00	4,02	9,62	28,43	10,17	1,92
'Olisun 5'	23,18	14,22	16,88	1,00	13,23	52,83	31,56	11,06
'Igra827'	7,89	6,26	7,11	5,23	1,00	70,99	1,24	19,85
'Aguara 4'	22,80	3,70	4,15	17,29	14,62	1,00	69,63	15,96
'Olisun3'	9,18	2,52	4,30	21,23	11,66	1,17	1,00	19,85
'Aguara6'	21,46	2,08	1,17	15,46	6,73	7,66	7,64	1,00
'Tocher'	I	I	I	III	II	I	I	I

Tabela 3 - Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética das cultivares de girassol, pelo método proposto por Singh para cada localidade.

Variáveis	-----Frederico Westphalen-----		-----Guarani das Missões-----	
	S.j	S.j. (%)	S.j	S.j. (%)
Altura de Inserção de capítulo	8,01	14,60	6,28	21,14
Diâmetro de capítulo	1,02	2,10	2,32	7,81
Diâmetro de colo da haste	3,09	5,56	1,28	4,32
Número de aquênios por capítulo	28,36	51,18	16,43	55,32
Massa de aquênios por capítulo	7,08	13,80	0,02	0,07
Massa de 1000 aquênios	5,14	9,12	2,66	8,98
Produtividade de aquênios	1,97	3,56	0,69	2,33

Nota: S.j. contribuição na divergência genética de cada variável; S.j.%: contribuição relativa.

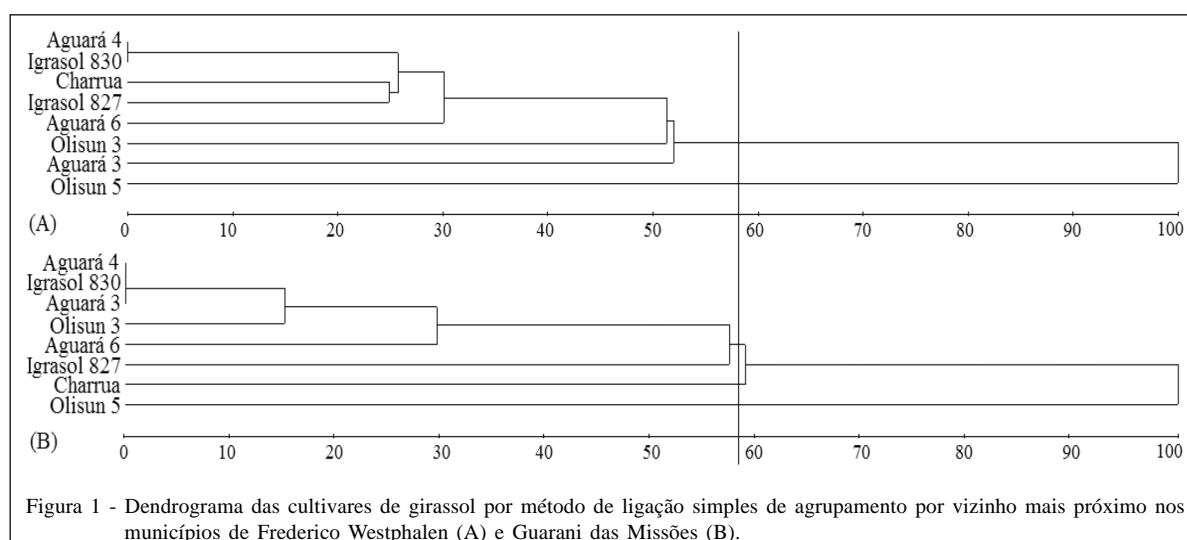
‘Igrasol 827’ e ‘Aguará 6’ juntamente com ‘Olisun 3’ e ‘Aguará’, diferenciando na proporção de 60% com o agrupamento único formado pelo híbrido Olisun 5. Na outra localidade, entretanto, até 50%, havia seis cultivares com alta proximidade, havendo divergência somente a partir dos 60%, e novamente com Olisun 5.

No método hierárquico, a escolha final de grupos é de forma subjetiva, pois os conglomerados são reunidos no dendrograma conforme a altura (eixo x) correspondente ao nível de similaridade, sendo indicados outros métodos para a determinação do número de grupos (MINGOTI, 2005). Entretanto, apesar de procedimentos distintos, houve concordância na distribuição dos indivíduos perante agrupamento outrora expresso pelo método de Tocher. Esses resultados corroboram CAMARANO et al. (2010) que, analisando populações de girassol, observaram que o

método de Tocher e o método hierárquico de ligação simples de vizinho mais próximo foram concordantes. A determinação da correlação cofenética tornou-se confiável e de ótima representatividade, com coeficientes de 0,78, e 0,72, correspondendo à boa correlação entre a matriz das distâncias entre os genótipos no dendrograma.

## CONCLUSÃO

Os métodos multivariados foram concordantes entre si, sendo o número de aquênios por capítulo e altura de inserção do capítulo as variáveis que mais contribuíram para a divergência. A dissimilaridade entre as cultivares demonstra a utilização do híbrido Olisun 5 para obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.



## REFERÊNCIAS

- AMORIM, E.P. et al. Divergência genética em genótipos de Girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n.6, p.1637-1644, 2007. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cagro/v31n6/a06v31n6.pdf>>. Acesso em: 12 nov. 2011. doi: 10.1590/S1413-70542007000600006.
- AMORIM, E.P.; SOUZA, J.C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, v.64, n.4, p.561-567, 2005. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v64n4/a05v64n4.pdf>>. Acesso em: 15 nov. 2011. doi: 10.1590/S0006-87052005000400005.
- 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. Disponível em: <[http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/39\(6\)/PJB39\(6\)2009.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/39(6)/PJB39(6)2009.pdf)>. Acesso: 10 nov. 2011.
- BORGES, R.M.E. et al. Phenotypic divergence among wine grape accessions in the semi-arid region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, n.3, p.260-265, 2010. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cbab/v10n3/a12v10n3.pdf>>. Acesso em: 12 nov. 2011. doi: 10.1590/S1984-70332010000300012.
- CAMARANO, L.F. et al. Genotypic divergence among sunflower populations. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.40, n.1, p.36-44, 2010. Disponível em: <<http://www.revistas.ufg.br/index.php/pat/article/view/3815>>. Acesso: 12 nov. 2011.
- CARVALHO, F.I.F. et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel, 2001. 99p.
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.
- CRUZ, C.D. **Programa genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175p.
- EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Rio de Janeiro, 2006. 412p.
- FAOSTAT (Food and Agricultural Organization of the United Nations), 2012. Statistics Division. **ProdSTAT: crops** (23 fev. 2012) based on 2011 data. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 17 nov. 2011.
- FUSARI, C.M. et al. Identification of single nucleotide polymorphisms and analysis of sinkage disequilibrium in sunflower elite inbred lines using the candidate gene approach. **BMC Plant Biology**, v.8, n.7, p.1-14, 2008. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/11rl02617606x368/>>. Acesso: 01 dez. 2011. doi: 10.1007/s00122-011-1619-3.
- KÖPPEN, W. **Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra**. México: Fondo de Cultura Económica, 1948. 466p.
- LAZZAROTTO, J.J. et al. O agronegócio do girassol no mundo e no Brasil. In: LEITE, R.M.V.B. et al. (Ed.). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. p.15-42.
- LORENTZ, L.H. et al. Plot size and experimental precision for sunflower production. **Scientia Agrícola**, v.67, n.4, p.408-413, 2010. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/sa/v67n4/v67n4a05.pdf>>. Acesso em: 20 nov. 2011. doi: 10.1590/S0103-90162010000400005.
- MAHALANOBIS, P.C. On the test and measures of group divergence. **Journal of Asiatic Society**, v.26, p.541-588, 1930.
- MANDEL, J. R. et al. Genetic diversity and population structure in cultivated sunflower and a comparison to its wild progenitor, (*Helianthus annuus* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.123, n.5, p.693-704, 2011. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/11rl02617606x368/>>. Acesso em: 13 nov. de 2011. doi: 10.1007/s00122-011-1619-3.
- MINGOTI, S.A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**. Uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 297p.
- NOORYAZDAN, H. et al. Construction of a crop - wild hybrid population for broadening genetic diversity in cultivated sunflower and first evaluation of its combining ability: the concept of neodomestication. **Euphytica**, v.178, n.3, p.159-175, 2011. Disponível em: <<http://rd.springer.com/article/10.1007/s10681-010-0281-1>>. Acesso em: 12 nov. de 2012. doi: 10.1007/s10681-010-0281-1.
- PASSOS, A.R. et al. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v.66, n.4, p.579-586, 2007. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v66n4/07.pdf>>. Acesso em: 24 nov. 2011. doi: 10.1590/S0006-87052007000400007.
- PORTO, W.S. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol para a região subtropical do Brasil. **Ciência Rural**, v.39, n.9, p.2452-2459, 2009. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v39n9/a366cr1382.pdf>>. Acesso em: 15 out. 2011. doi: 10.1590/S0103-84782009005000207.
- RAO, G.M. et al. Prediction of heterosis based on genetic diversity of parents through regression analysis in sunflower (*Helianthus annuus*). **Helia**, v.27, n.41, p.51-58, 2004. Disponível em: <<http://www.doiserbia.nb.rs/img/doi/1018-1806/2004/101818060441051R.pdf>>. Acesso em: 12 out. 2011.
- 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. Disponível em: <<http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:ijgp&volume=41&issue=2&article=010>>. Acesso em: 05 nov. 2011.
- SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. **Biometry: the principles and practice of statistics in biological research**. San Francisco: Freeman, 1969. 776p.
- SBCS (Comissão de química e fertilidade do solo - RS/SC). **Manual de adubação e calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina**. 10.ed. Porto Alegre: SBCS - Núcleo Regional Sul/UFRGS, 2004. 400p.
- SUBRAHMANYAM, S.V. et al. Genetic divergence for seed parameters in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, v.26, n.38, p.73-80, 2003. Disponível em: <<http://www.doiserbia.nb.rs/img/doi/10181806/2003/101818060338073S.pdf>>. Acesso em: 12 out. 2011.
- VOGT, G.A. et al. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. **Scientia Agrária**, v.11, n.4, p.307-315, 2010. Disponível em: <<http://redalyc.uaemex.mx/redalyc/pdf/995/99515213005.pdf>>. Acesso em: 05 nov. 2011.