

Divergencia genética entre genotipos de girasol

Genetic divergence among genotypic of sunflower

Amalio Mendoza^{1*} y Orlando Noldin²

¹ Programa de Investigación Maíz Sorgo y Girasol (PIMSG). Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA), Campo Experimental de Choré (CECH). Choré, Paraguay.

² PIMSG, IPTA, Centro de Investigación Capitán Miranda (CICM). Capitán Miranda, Paraguay.

*Autor para correspondencia (amalio.mendoza@hotmail.com)

Recibido: 01/02/2016; Aceptado: 18/05/2016.

<http://dx.doi.org/10.18004/investig.agrar.2016.junio.1-7>

RESUMEN

En el mejoramiento genético de girasol es importante la existencia de variabilidad genética, siendo uno de los principios básicos para la obtención de ganancia genética en el desarrollo de nuevos híbridos o variedades de polinización abierta. El objetivo de este trabajo fue determinar la divergencia genética de 25 genotipos de girasol proveniente de diferentes empresas. El experimento fue realizado en el Campo Experimental de Chore del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (CECH – IPTA) en un diseño de bloques completo al azar con 25 tratamientos y tres repeticiones, los tratamientos estuvieron dados por los diferentes genotipos de girasol. Se evaluaron las siguientes variables: rendimiento de grano, altura de planta y diámetro de capítulo. Fueron encontradas diferencias significativas entre los genotipos en altura de planta y diámetro de capítulo. Los genotipos 24, 21, 13 y 15 se destacaron como los menos similares y los más similares fueron 3, 9, 10, 11 y 14 entre los 25 genotipos evaluados. A partir del dendrograma representativo de las poblaciones de 25 genotipos fueron formados dos grupos, siendo el genotipo 15 el más divergente. Las características que más contribuyeron para la divergencia genética fueron altura de planta y diámetro de capítulo.

Palabras clave: *Helianthus annuus* L., caracteres agronómicos, mejoramiento genético, variabilidad.

ABSTRACT

Genetic variability is important for sunflower breeding because it is one of the basic principles for generating /obtaining genetic gains in the development of new hybrids or open-pollination varieties. The objective of this work was to determine genetic divergence of 25 sunflower genotypes each of which belonged to different companies. The experiment was carried out at the Campo Experimental de Choré of the Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (CECH – IPTA) applying a random block design, with 25 treatments and three repetitions. Treatments were determined by the different sunflower genotypes. The following variables were evaluated: Grain yield, plant height, inflorescence diameter. Significant differences in plant height and inflorescence diameter were found among different genotypes. Genotypes 24, 21, 13 and 15 were found to be the least similar ones whereas genotypes 3, 9, 10, 11 and 14 were the most similar ones. Two groups were formed based on the population dendrogram representative of the 25 genotypes, being genotype 15 the most divergent one. Plant height and inflorescence diameter accounted for the greatest genetic divergence among genotypes.

Key words: *Helianthus annuus* L., agronomic features, genetic improvement, variability.

INTRODUCCIÓN

El girasol constituye una especie de múltiples propósitos, que puede ser aprovechada en forma ornamental, medicinal, en la apicultura, en rotaciones de cultivos como abono verde, en la producción de aceite para alimentación humana y animal. Una tonelada de granos, produce 300 kg de torta con 48 a 50% de proteína, que

pueden ser utilizadas para la alimentación de aves, suínos y bovinos confinados y semiconfinados (Castiglioni y Oliveira 2013).

El género *Helianthus* comprende 49 especies y 19 subespecies, siendo 12 anuales y 37 perennes, todas nativas de América (Seiler 1992). Según Lentz et al.

(2001) el girasol (*Helianthus annuus* L.) es originario de México. Es considerada como planta melífera y ornamental (Porto et al. 2007) y al ser una planta alógama, de polinización cruzada, la presencia de insectos polinizadores es imprescindible para la producción de granos (Chambó et al. 2011).

La producción de girasol ha caído en los últimos tiempos, por el bajo precio que se cotiza el grano, siendo utilizada más bien para rotación con los otros cultivos como maíz y soja. En tanto, existen necesidades de adecuarlo a los diferentes sistemas de producción, siendo necesario que los programas de mejoramiento genético busquen el desarrollo de genotipos que presenten, concomitantemente, alto tenor de aceite, ciclo precoz, porte reducido, resistencia a factores bióticos y abióticos, además de alto potencial productivo (Oliveira et al. 2005).

Para alcanzar los objetivos citados es imprescindible la existencia de variabilidad genética, en el germoplasma disponible para el mejoramiento. El estudio de las características morfológicas de los cultivos a través de la utilización de técnicas estadísticas multivariada, es importante para estimar la divergencia genética del conjunto de cultivares disponibles (Elias et al. 2007) y que han sido utilizados en varios trabajos en diversos cultivos como maíz (*Zea mays*) (Vieira et al. 2005, Mendoza 2014), trigo (*Triticum spp*) (Bertan et al. 2006) y habilla (*Phaseolus vulgaris*) (Cargnelutti Filho et al. 2008).

Según Cruz et al. (2012) la cuantificación de la diversidad genética puede ser realizada por medio de caracteres agronómicos, morfológicos y moleculares entre otros. En el caso de las variables cuantitativas esa variabilidad puede ser identificada utilizándose medidas de disimilaridad y distancia generalizada de Mahalanobis. Esta última lleva en consideración las varianzas y covarianzas residuales existentes entre las características evaluadas, a partir de ensayos experimentales con repeticiones.

La identificación de genotipos de girasol de calidad superior con mayor adaptación a las condiciones edafoclimáticas, puede dar información que ayude en el mayor aprovechamiento de la especie como opción para incremento de renta en las unidades de producción. Aliado a esto, es fundamental conocer de forma detallada la expresión de distintos caracteres de la planta objeto de observación y selección en ensayos de competición, representando informaciones valiosas para los programas

de mejoramiento en la promoción de genotipos elite o en la selección de líneas que integren bloques de cruzamiento (Da Silva et al. 2011).

En este contexto, el objetivo del trabajo fue determinar la variabilidad genética existente entre genotipos de girasol proveniente de diferentes empresas, aliada a la identificación de los caracteres agronómicos que contribuyan más efectivamente en la expresión de esta variabilidad.

MATERIALES Y MÉTODOS

El experimento fue realizado en el Campo Experimental de Chore del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (CECH – IPTA) situado a 24° 11' 60" S, 56° 34' 00" W y 250 msnm.

Fueron evaluados 25 genotipos pertenecientes a la red de ensayo del Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol (PIMSG), los materiales en estudio pertenecen a diferentes empresas, los cuales constituyeron los tratamientos de la investigación.

El diseño utilizado fue de bloques completos al azar con 25 tratamientos y tres repeticiones. Los genotipos evaluados fueron: AROMO 11, NG 341, LULU, PARAISO 75 P5, ARGENSOL 50 AO, PARAISO 303, NTO 4,0, CF 503 CL, PARAISO 10001 CL, LARA, ARGENSOL 40, PARAISO 1000 CL, CF 101, LAURA, MG 305 CP, LILIANA, LILA, KATHYA, G2 2088, MG 60 (Testigo), MG 2 (Testigo), MG 50 (Testigo), DK 4045 (Testigo), DK 3940 (Testigo) y ZENIT (Testigo)

Los genotipos fueron sembrados en el mes de octubre de 2011, en parcelas con cinco hileras de 7 m de largo y distancia entre plantas de 0,45 m. Para la parcela útil fueron consideradas las tres hileras centrales de cada unidad experimental.

Fueron evaluadas las siguientes características =

Altura de planta (AP, en cm): medida desde el suelo hasta la inserción del capítulo, en cinco plantas por parcela presentes en el área útil, durante la fase de maduración fisiológica.

Diámetro del capítulo (DC, en cm): diámetro medio de todos los capítulos cosechados de las plantas seleccionadas anteriormente.

Productividad de granos (REND, en kg ha⁻¹): peso de granos de todos los capítulos pertenecientes a la parcela

útil. Siendo los datos corregidos a 11% de humedad y los resultados extrapolados en kg ha⁻¹.

Los datos obtenidos fueron sometidos a análisis de varianza. Con base en las medias generadas y de la matriz de covarianza residual, de acuerdo a Cruz et al. (2012) fue estimada la distancia generalizada de Mahalanobis (D2) entre todos los pares de genotipos y el empleo del criterio de Singh (1981) en la estimativa de la magnitud de contribución relativa de las variables para la divergencia genética total. Para la formación de grupos fue construido un dendrograma utilizando el método de Vecino Más Próximo, teniendo en cuenta la línea de corte propuesto por Mojema (1977). Para todos los análisis fue utilizado el programa GENES (Cruz 2013).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza reveló la existencia de diferencias significativas entre los genotipos en las variables altura de plantas (AP) y diámetro de capítulo (DC) pero no para

rendimiento (REND) en nivel de 1% de probabilidad (Tabla 1). Esto significa que hay variabilidad genética entre los cultivares evaluados para los caracteres morfológicos estudiados. Los coeficientes de variación fueron de baja magnitud, oscilando de 5,54 a 18,24% para AP y REND, respectivamente (Tabla 1), revelando adecuada precisión experimental.

En todas las fuentes de variación no se observaron diferencias significativas para el carácter REND (Tabla 1), así como tampoco para la fuente de variación Gen vs Test para todas las características evaluadas.

La diferencia significativa observada al 1% para DC y AP demuestran variación entre los cultivares evaluados. Amorim et al. (2008) relatan que existen correlaciones significativas y efectos directos positivos entre productividad de granos, diámetro del capítulo, porcentaje de granos normales y la masa de mil granos, pudiendo ser utilizados en la selección indirecta con el propósito de desarrollo de nuevos genotipos.

Tabla 1. Resumen del análisis de varianza para rendimiento de grano (REND), altura de planta (AP) y diámetro de capítulo (DC). Paraguay, 2011.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios		
		REND	AP	DC
Bloque	2	74414,25	87,21	10,45
Tratamientos	24	107923,76 ns	616,47 **	8,16 **
Genotipos	18	125499,95 ns	442,03 **	9,48 **
Testigos	5	65018,73 ns	1348,26 **	3,65 ns
Gen vs Test	1	6077,48 ns	97,28 ns	7,02 ns
Residuo	48	70842,24	150,79	2,95
Media General		1458,7	221,3	15,26
Media Testigo		1442,68	223,33	14,72
Coefficiente de Variación (%)		18,24	5,54	11,25

ns: no significativo, **: significativo al 0,01 probabilidad de error.

En la Tabla 2 son presentadas las medidas de disimilaridad medias (DMM) y relación de los 25 genotipos de girasol más y menos similares con base en las distancias generalizadas de Mahalanobis, envolviendo tres características morfo agronómicas.

En el mejoramiento del girasol es imprescindible la existencia de variabilidad genética, principio básico para obtención de ganancia genética en el desarrollo de nuevos híbridos o variedades de polinización abierta (Da Silva et al. 2011).

El conocimiento de la divergencia genética genera parámetros para selección de progenitores que, al ser cruzados, posibiliten mayor efecto heterótico en la progenie, aumentando las chances de obtención de genotipos superiores en generaciones segregantes (Mohannadi y Prasanna 2003, Paixão et al. 2008, Paterniani et al. 2008).

Tabla 2. Medidas de disimilaridad medias (DMM) y relación de 25 genotipos de girasol más y menos similares con base en la distancia generalizada de Mahalanobis. Paraguay, 2011.

GENOTIPOS	Menos similares					Más similares				
	Genotipos				Medias	Genotipos				Medias
(1) AROMO 11	13	24	15	25	9,3	12	22	7	20	1,4
(2) NG 341	15	18	21	20	14,3	24	17	23	10	1,6
(3) LULU	18	15	21	20	8,5	11	9	14	10	0,2
(4) PARAISO75 P5	15	13	25	18	13,6	6	22	12	1	1,3
(5) ARGENSOL 50 AO	18	21	15	20	9,8	11	9	3	14	0,4
(6) PARAISO 303	15	13	18	20	12,3	4	22	12	17	0,8
(7) NTO 4,0	24	13	18	15	7,2	14	10	3	11	0,8
(8) CF 503 CL	18	21	15	4	9,4	14	3	11	9	0,6
(9) PARAISO 10001 CL	18	15	21	20	9,7	11	3	10	5	0,3
(10) LARA	15	18	13	21	8,2	23	3	11	12	0,3
(11) ARGENSOL 40	18	15	21	20	8,6	3	9	14	5	0,2
(12) PARAISO 1000 CL	15	13	18	25	8,8	22	10	23	6	0,5
(13) CF 101	18	21	4	20	21,5	25	5	8	14	3,6
(14) LAURA	18	21	15	24	7,8	3	11	8	7	0,3
(15) MG 305 CP	24	2	4	6	21,6	7	14	20	5	7,5
(16) LILIANA	13	15	25	24	12,5	23	22	12	21	1,7
(17) LILA	15	18	21	20	13,5	19	24	9	6	0,8
(18) KATHYA	13	25	24	15	22	21	20	16	22	2,9
(19) G2 2088	15	18	21	20	11,6	17	9	5	6	0,8
(20) MG 60 (T)	13	24	25	2	14,1	21	1	7	18	1,9
(21) MG 2 (T)	13	25	24	15	18,1	18	20	16	22	1,8
(22) MG 50 (T)	15	13	25	18	9,9	12	4	23	6	0,6
(23) DK 4045 (T)	15	13	18	21	8,4	10	12	3	11	0,5
(24) DK 3940 (T)	15	18	21	20	19,2	17	2	25	19	1,7
(25) ZENIT (T)	18	21	15	20	17,2	9	8	3	11	2

T: Testigo

Los genotipos 21, 24, 13, 15 y 18 se destacaron como los menos similares entre los 25 genotipos, con las siguientes distancias de Mahalanobis medias (DMM): con valores de 18,1; 19,2; 21,5; 21,6 y 22, respectivamente.

El genotipo 15 se destacó como uno de los más disimilares de todos, con DMM igual a 21,6, estando envuelto en 22 de las 25 distancias registradas. El segundo genotipo más disimilar fue el 18 (KATHYA), estando envuelto en 19 de las 25 distancias registradas.

Existen varios trabajos que relatan que cuando mayor es la divergencia genética entre los parentales mayor será la heterosis y, consecuentemente, mayor la productividad (Amorim et al. 2007, Vogt et al. 2010, Chambó et al. 2011).

Los genotipos, más similares fueron 3, 9, 10, 11 y 14 y entre ellos los genotipos 3 y 11 fueron los que presentaron mayor similitud, con DMM de 0,2, en razón de haber tenido la menor distancia media entre los pares de distancias estimadas (Tabla 2). Estos genotipos a pesar de haber presentado baja diversidad genética, son de gran interés desde el punto de vista de su aprovechamiento en los programas de mejoramiento genético. Según Paterniani et al. (2008) es necesario seleccionar líneas superiores, pues la utilización de solamente líneas contrastantes no es seguridad de éxitos en los programas de mejoramiento.

En la Figura 1 son presentados los grupos formados, obtenidos por el método del vecino más próximo, utilizando la distancia generalizada de Mahalanobis. El

método jerárquico de ligación por vecino más próximo, compone la clasificación de los cultivares más semejantes en la matriz de disimilaridad, los cuales son reunidos para formar el grupo inicial (Cruz et al. 2012).

A partir del dendrograma representativo de las poblaciones de 25 genotipos de girasol (Figura 1), utilizando la línea de corte propuesto por Mojema (1977), fue posible identificar la formación de dos grupos. El genotipo 15 (MG 305 CP) fue el más divergente formando el primer grupo, divergiendo del segundo grupo, formado a partir del genotipo 13 (CF 101), genotipos formados en grupos más distantes pueden ser considerados en hibridaciones para generar nuevas poblaciones segregantes y genotipos del mismo grupo puede ser utilizado en programa de retrocruzamiento o selección recurrente. De acuerdo con Vieira et al. (2005) grupos formados por apenas un individuo indican que tal individuo sea más divergente en relación a los demás.

Según Bertan et al. (2006) el análisis de agrupamiento tiene por finalidad reunir por criterio de clasificación, a los progenitores (o cualquier otro tipo de unidad muestral) en varios grupos, de tal forma que exista homogeneidad dentro del grupo y heterogeneidad entre grupos.

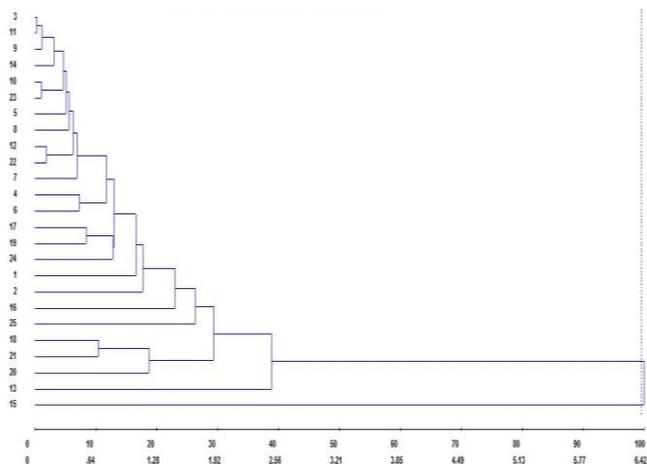


Figura 1. Dendrograma representativo de la disimilaridad genética entre 25 genotipos de girasol, obtenidos por la técnica de Vecino Más Próximo. Paraguay, 2011.

Se espera que genotipos contrastantes en un mismo grupo de similitud, cuando cruzados entre sí, exhiban poca heterosis, se recomienda entonces la realización de cruzamientos entre genotipos de grupos distintos, a fin de obtener mayor ganancia.

En la Tabla 3 son presentadas la contribución relativa para la diversidad genética de los tres caracteres de los 25 genotipos evaluados.

Las características que más contribuyeron para la divergencia genética fueron AP y DC con valores de 52,51 y 33,25%, respectivamente, la característica que presentó menor contribución fue REND con un valor de 14,23%. Estos resultados coinciden por lo encontrados por Vogt et al. (2010) siendo el DC uno de los caracteres que más contribuyó en la disimilaridad entre genotipos.

El método de Singh (1981) basado en D2 de Mahalanobis, considera de menor importancia características que expresan menor variabilidad. Se sugiere, que sea descartada en este caso, la variable rendimiento de grano (Tabla 3) que presentó menor contribución para la divergencia.

Conforme Alves et al. (2003) el gran interés en la evaluación de la importancia relativa de los caracteres reside en la posibilidad de que se destaquen características que contribuyan poco para la discriminación de los materiales evaluados, reduciendo de esa forma, mano de obra, tiempo y costo correspondiente a la experimentación.

Tabla 3. Contribución relativa de los caracteres para diversidad genética por el método de Singh (1981) distancia generalizada de Mahalanobis. Paraguay, 2011.

Características ¹	S.j ²	Valor en %
REND	222,56	14,23
AP	821,19	52,51
DC	519,95	33,25

¹ REND: rendimiento de grano, AP: altura de planta y DC: diámetro de capítulo, ² S.j: contribución de la variable x para el valor de la distancia de Mahalanobis entre los cultivares i e i'.

El interés en la evaluación de una menor cantidad de variables que contribuyan poco para la discriminación de los materiales evaluados posibilita la economía de tiempo, economiza mano de obra, tanto en la toma de datos como en la experimentación, además de reducir los costos en análisis futuros (Cruz et al. 2012).

La contribución de progenitores menos divergentes puede ser de gran importancia en retrocruzamientos como el caso de los genotipos 3, 5, 9, 10, 11 y 14, cuando se desea recuperar características del parental recurrente. Pero, la mayor contribución relativa de la característica

productividad es importante en el estudio de poblaciones, en función de la selección de las más divergentes, más que presenten elevada productividad, siendo muchas veces esta la característica prioritaria en el mejoramiento.

CONCLUSIONES

Existe variabilidad genética entre los 25 genotipos de girasol para las variables altura de plantas y diámetro de capítulo. A partir del dendrograma de vecino más próximo fueron formados dos grupos.

La altura de planta (AP) y el diámetro de capítulo (DC) son los caracteres que contribuyen más efectivamente para la divergencia genética.

AGRADECIMIENTOS

Al Ing. Agr. Rubén Viera, del Campo Experimental de Choré; a los Agrs. Juan Morel, Rodolfo A. Schopfer, Mario Díaz y Victorio Báez, asistentes técnicos de la Sección Maíz, Sorgo y Girasol del Centro de Investigación Capitán Miranda, por su colaboración en la ejecución de las actividades de campo de esta investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Alves, RM; Garcia, AAF; Cruz, ED; Figueira, A. 2003. Seleção de descritores botânica agrônômica para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 38(07):807-818.
- Amorim, EP; Ramos, NP; Ungaro, MRG; Kihl, TAM. 2007. Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e Agrotecnologia* 31(6):1637-1644.
- Amorim, EP; Ramos, NP; Ungaro, MRG; Kihl, TAM. 2008. Correlações e análise de trilha em girassol. *Bragantia* 67(2):307-316.
- Bertan, I; Carvalho, F; Oliveira, A; Shimidt, DA; Valério I; Busato, C.; Ribeiro, G. 2006. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira Agrociência* 12(3):279-286.
- Cargnelutti Filho, A; Ribeiro, N; dos Reis, RP; de Souza, J; Jost, E. 2008. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. *Ciência Rural* 38(8):2138-2145.
- Castiglioni, VB; Oliveira, M. 2013. Melhoramiento de girasol. In Borém, A. eds. *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Viçosa, BR, UFV. p. 392-427.
- Chambó, ED; Garcia, RC; Oliveira, NTE; Duarte Júnior, JB. 2011. Honey bee visitation to sunflower: effects on pollination and plant genotype. *Scientia Agricola* 68(6):647-651.
- Cruz, CD; Regazzi, JA; Carneiro, PCS. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4 ed. Viçosa, BR, UFV. v. 1, 514 p.
- Cruz, CD; Regazzi, JA; Carneiro, PCS. 2013. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum* 5(3):271-276.
- Da Silva, JA; Schwertner, D; Caronera, R; Kruguer, CA; Crestani, M; Gaviraghi, F; Schiavo, J; Arenhardt, E. 2011. Distancia genética em genótipos de girassol. *Revista Brasileira Agrociência* 17(3-4):326-337.
- Elias, H; Vidigal, MC; Gonela, A; Vogt, G. 2007. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 42(10):1443-1449.
- Lentz, DL; Pohl, MED; Pope, KO; Wyatt, AR. 2001. Prehistoric sunflower (*Helianthus annuus* L.) domestication in Mexico. *Economic Botany* 55(3):370-376.
- Mendoza González, AM. 2014. Biometria aplicada ao melhoramento de milho amiláceo na Região Oriental do Paraguai. Tesis Mag. Sc. Vicoso, BR, UFV. 121 p.
- Mohammadi, SA; Prasanna, BM. 2003. Analyses of genetic diversity in crop plants: salient statistics tools and considerations. *Crop Science* 43(4):1235-1248.
- Mojema, R. 1977. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The computer Journal*. 20:359-363.
- Oliveira, MF; Castiglioni, VBR; Carvalho, CGP. 2005. Melhoramento do girassol. In Leite, RMVB; Brighenti, AM; Castro, C. eds. *Girassol no Brasil*. Londrina, BR, Embrapa Soja, p. 269-297.
- Paixão, S; Cavalcante, M; Ferreira, P; Madalena, JA; Pereira, R. 2008. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de alagoas. *Caatinga* 21(4):191-195.
- Paterniani, MEAGZ; Guimarães, P; Lurders, RR; Gallo, P; de Souza, A; Borda, P; Oliveira, K. 2008. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. *Bragantia* 67(3):639-648.

- Porto, WS; Carvalho, CGP; Barth Pinto, RJ. 2007. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 42(4):491-499.
- Seiler, GJ. 1992. Utilization of wild sunflower species for the improvement of cultivated sunflower. *Field Crop Res* 30:195–230.
- Singh, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 41(1):237-245.
- Vieira, E; Zimmer, P; Oliveira, A; Carvalho, F; Malone, G; Benin, G. 2005. Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. *Ciência Rural* 35(5):986-994.