

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes  
Maldonado”**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE  
PLANTAS**

**JOÃO PAULO EGUES LIRA**

**Caracterização agronômica e morfológica de genótipos de  
*Carthamus tinctorius* L. no Mato Grosso - Brasil**

**CÁCERES**

**MATO GROSSO-BRASIL**

**ABRIL- 2019**

JOÃO PAULO EGUES LIRA

**Caracterização agronômica e morfológica de genótipos de  
*Carthamus tinctorius* L. no Mato Grosso - Brasil**

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli

CÁCERES

MATO GROSSO-BRASIL

ABRIL – 2019

L768c LIRA, João Paulo Egues .  
Caracterização Agronômica e Morfológica de Genótipos de  
Carthamus Tinctorius L. no Mato Grosso - Brasil / João Paulo  
Egues Lira - Alta Floresta/ Cáceres/ Tangará da Serra, 2019.  
52 f.; 30 cm.(ilustrações) Il. color. (sim)

Trabalho de Conclusão de Curso  
(Dissertação/Mestrado) - Curso de Pós-graduação Stricto Sensu  
(Mestrado Acadêmico) Genética e Melhoramento de Plantas,  
Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, Multicampi,  
Universidade do Estado de Mato Grosso, 2019.

Orientador: Marco Antonio Aparecido Barelli

Coorientador: Leonarda Grillo Neves

1. Análise Multivariada. 2. Cártamo. 3. Melhoramento  
Genético. I. João Paulo Egues Lira. II. Caracterização Agronômica  
e Morfológica de Genótipos de Carthamus Tinctorius L. no Mato  
Grosso - Brasil: .

CDU 631.52(817.2)

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Regional de Cáceres.  
Walter Clayton de Oliveira CRB 1/2049

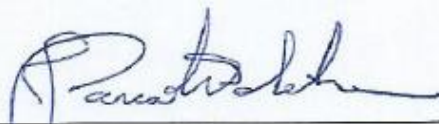
**Caracterização agrônômica e morfológica de genótipos de *Carthamus tinctorius* L. no Mato Grosso - Brasil**

JOÃO PAULO EGUES LIRA

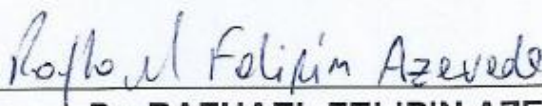
Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovado em 09 de Abril de 2019.

Comissão Examinadora:



**Dra. JULIANA PARISOTTO POLETINE**  
Universidade Estadual de Maringá – Campus Umuarama (UEM-PR)



**Dr. RAFAEL FELIPIN AZEVEDO**  
Universidade Estadual de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”  
(UNEMAT)



**Prof. Dr. MARCO ANTONIO APARECIDO BARELLI**  
Universidade Estadual de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”  
(UNEMAT)

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço primeiramente à Deus pela vida, saúde, sabedoria e força durante esta jornada.

À Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - PGMP pela oportunidade da realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e pelo apoio financeiro por meio da concessão de bolsa.

À minha família em geral por todo amor, companheirismo, incentivo e apoio em meus estudos sempre torcendo pelo meu sucesso.

À minha amiga e namorada Livia Seraglio Souza por estar ao meu lado em todos os momentos, pela paciência, compreensão, apoio e incentivo nas horas dos estudos.

A todos os professores do PGMP, em especial ao professor Doutor Marco A. A. Barelli, pelos conselhos, ensinamentos e oportunidades dadas para o meu crescimento e amadurecimento profissional.

Aos amigos de mestrado, em especial a Marcos Junior, Carolina Barros e Dhielida Torquato por todos os momentos de estudo, alegrias, sonhos, e angustias compartilhadas.

Aos amigos e companheiros de laboratório Aline Melão, André Almisse, Aldair José, Bruno Ponce, Marcelo Arruda, Vanderson Ribeiro, Ronaldo Lacerda, Gustavo Delforno, Valvernag Silva, Willian Duarte e Daniel pela colaboração deste trabalho em todos os momentos, pela ajuda na coleta de dados, pelos momentos de descontração e pelo companheirismo durante esses dois anos.

Enfim, a todos aqueles que não mencionei, mas que de alguma forma contribuíram para a conclusão desta etapa meu muito obrigado.

## **BIOGRAFIA**

João Paulo Egues Lira, filho de João Batista O. Lira e Célia Regina Egues, nasceu em Cáceres – MT, onde realizou toda a sua formação até o momento. No ano de 2011 concluiu ensino médio no Colégio Imaculada Conceição e em 2012 ingressou no Curso Tecnologia em Biocombustíveis pelo Instituto Federal de Mato Grosso - IFMT, sendo diplomado no ano de 2015. Em fevereiro de 2017 iniciou o curso de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na UNEMAT, vinculada a linha de pesquisa de Melhoramento Genético Vegetal, no Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia do Curso de Agronomia da UNEMAT- Campus Cáceres.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	3
2.1 <i>Carthamus tinctorius</i> L.....	3
2.2 Uso e produção de cártamo .....	6
2.3 Melhoramento genético cártamo .....	10
2.4 Análise multivariada .....	12
<b>3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	18
3.1 Localização e condução do experimento .....	19
3.2 Semeadura e tratos culturais.....	19
3.3 Características avaliadas .....	20
3.3.1 As características agronômicas avaliadas foram: .....	20
3.3.2 As características .....	21
3.4 Análises estatísticas.....	22
3.4.1 Análise Multivariada .....	22
3.4.2 Distância Euclidiana Média .....	23
3.4.3 Análise de Agrupamento .....	23
3.4.4 Método de Otimização de Tocher .....	24
3.4.5 Tocher Modificado .....	25
3.4.6 Método Hierárquico de UPGMA .....	25
3.4.7 Contribuição Relativa dos Caracteres pelo método de Singh (1981) .....	27
3.4.8 Índice de dissimilaridade de Gower (1971) .....	27

<b>4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....</b>	<b>28</b>
4.1 Análise Multivariada Agronômicos .....	28
4.1.1 Medidas De Dissimilaridade .....	28
4.1.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher e Hierárquico do UPGMA.....	29
4.1.3 Representação gráfica tridimensional .....	39
4.1.4 Contribuição relativa dos caracteres .....	40
4.2 Análise Multivariada Morfológicos .....	41
4.2.1 Medidas De Dissimilaridade .....	41
4.2.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher modificado e Hierárquico do UPGMA.....	42
4.3 Análise Conjunta .....	47
4.3.1 Medidas De Dissimilaridade .....	47
4.3.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher e Hierárquico do UPGMA.....	47
<b>5. CONCLUSÕES.....</b>	<b>52</b>
<b>6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>53</b>



## RESUMO

LIRA, João Paulo Egues, M.Sc., UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Fevereiro de 2019, **Caracterizaçãogronômica e morfológica de *Carthamus Tinctorius* L.** Professor Orientador: Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli, Professores Conselheiros: Dra. Leonarda Grillo Neves e Dr. Thiago Alexande Santana Gilio.

A cultura do cártamo apresenta adaptação as condições edafoclimáticas de clima seco e quente que coincide com o período de segunda safra para o Estado de Mato Grosso, podendo assim se tornar uma opção para cultivo neste período, além desta adaptação s condições climáticas o cártamo é uma oleaginosa com ampla capacidade de uso tanto para produção de óleo para alimentação quanto para produção de biodiesel. Desta forma, o objetivo deste trabalho é caracterizar 124 genótipos de cártamo com base nas suas características agronômicas e morfológicas com intuito de fornecer informações para diretrizes iniciais para um programa de melhoramento. Durante o ciclo da cultura foram avaliados es os descritores preconizados pelo International Board for Plant Genetic Resources e Ministério Agricultura Pecuária e Abastecimento. A análise multivariada foi empregada para avaliar a divergência entre os genótipos, via Distância Euclidiana Média para os caracteres agronômicos e vias variáveis multicategóricas para os descritores morfológicos. Empregou-se também a análise simultânea para os descritores qualitativos e quantitativos via algoritmo de Gower. Através dos resultados conclui-se que existe variabilidade genética entre os genótipos de cártamo para as características agronômicas e morfológicas avaliadas. As variáveis agronômicas PROD, NCP e ALTP obtiveram a maior contribuição para a divergência genética entre os 124 genótipos. De acordo com os agrupamentos estabelecidos com as análises estatísticas e com o que foi visualizado no campo sugere-se para uma nova etapa de avaliações utilização dos genótipos 1, 6, 15, 16, 19,21, 23, 30, 34, 42, 49, 73, 76, 77, 84, 89, 93, 98, 99, 100, 111, 114, 119, 121 e 124.

**Palavras-Chave: Análise Multivariada; Cártamo; Melhoramento Genético.**

## ABSTRACT

LIRA, João Paulo Egues, M.Sc., STATE UNIVERSITY OF MATO GROSSO "Carlos Alberto Reyes Maldonado", February 2019, **Agronomic and Morphological characterization of *Carthamus Tinctorius* L.** Adviser: Dr. Marco Antonio AparecidoBarelli, Professors Counselors: Dra.LeonardaGrilloNeves and Dr. ThiagoAlexande Santana Gilio.

The culture of safflower presents adaptation to the conditions of dry and hot weather that coincide with the period of the second harvest for the State of MatoGrosso, and thus can become an option for the current year, in addition to this adaptation as weather safflower is a oilseed oil with ample capacity to use both for production of oil for food and for production of biodiesel. In this way, the objective of this article is 124 content genotypes based on their agronomic and morphological characteristics in order to provide information for the purpose of an improvement program. During the crop cycle, the descriptors recommended by the International Council of Plant Genetic Resources and the Ministry of Agriculture, Livestock and Food Supply were evaluated. A multivariate analysis was used to evaluate a divergence between the genotypes, via Average Euclidean Distance for the agronomic characteristics and via multicaatlor variables for the morphological descriptors. We also used a simultaneous analysis for qualitative and quantitative descriptors via the Gower algorithm. Based on the results it was concluded that there is genetic variability between the counting genotypes for the agronomic and morphological characteristics evaluated. As the agronomic variables PROD, NCP and ALTP obtained a greater contribution to genetic divergence among the 124 genotypes. According to the clusters established as a statistical analysis and with what was visualized in the field it is suggested for a new stage of description of the genotypes 1, 6, 15, 16, 19,21, 23, 30, 34, 42, 49 , 73, 76, 77, 84, 89, 93, 98, 99, 100, 111, 114, 119, 121 and 124.

**Keywords: Multivariate Analysis; Safflower; Genetic Improvement.**

## 1. INTRODUÇÃO

O uso de óleos vegetais destacam-se por sua capacidade de utilização na fabricação de diferentes produtos na indústria e pelo seu processo de produção, tornando-se uma opção para uso na geração de energia (Borges et al., 2016). A exploração de fontes oleaginosas ganha espaço nas políticas de desenvolvimento de diversos países com justificativas econômicas, ambientais e sociais, tornando-se essenciais para atender as necessidades da população mundial (Brito, 2018).

Com a necessidade de aumentar a produção de matéria prima, várias espécies oleaginosas têm sido estudadas por conter elevados teores de óleo e alta qualidade tais como soja, girassol, palma, coco, canola e cártamo (Bonfim-Silva et al., 2015). Entre as espécies oleaginosas já estabelecidas e potenciais para utilização na indústria, o óleo de cártamo apresenta importância (Yau e Ryan, 2010), pois seus teores de óleo podem chegar a 50% (Coronado, 2010), variando de acordo com cada genótipo e das condições ambientais (Ashrafi e Razmjoo, 2010).

O óleo é insípido, levemente amarelado e com características nutricionais semelhantes ao óleo de girassol (Medeiros, 2011), composto por ácidos insaturados oleico e linolênico e ácidos graxos saturados palmítico e esteárico (Yeilaghi et al., 2012). Apresenta-se como opção dentro da agricultura brasileira, devido ao reconhecimento de suas inúmeras utilidades no âmbito alimentar, industrial, ornamental e medicinal (Hussain et al. 2016). Na indústria o óleo é aplicado para diversos fins, dentre eles biocombustíveis, medicamentos e fabricação de tintas, vernizes e cosméticos (Coronado, 2010).

Inicialmente, foi cultivado devido utilização da sua flor, de onde era extraído um corante denominado “carthamine”, utilizado para colorir roupas, colorir e aromatizar alimentos, além de apresentar propriedades medicinais em suas folhas, que podem ser utilizadas para fabricação de medicamentos (Kisha e Johnson, 2012). Seu cultivo é realizado há mais de dois milênios em diversas localidades pelo mundo (Coronado, 2010; Moura et al., 2015), sendo os prováveis centros de origem a Etiópia, Índia e Afeganistão (Montoya, 2010).

O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) é uma planta anual, herbácea, de caule ereto e ramificado (Singh e Nimbkar, 2006) que pode servir como alternativa na

rotação de cultivo (Hojati et al., 2011). Possui ciclo de produção que varia entre 90 a 140 dias (Weiss, 2000), o que facilita o uso dessa cultura em consórcio com outros cultivos (Sharma e Purey, 2008), e se configura como uma cultura estratégica que apresenta boa tolerância a estresse por déficit hídrico além de características adequadas para mecanização aproveitando os mesmos equipamentos utilizados nos demais cultivos, como soja e milho (Olivo, 2017).

Apesar do destaque da produção agrícola do estado de Mato Grosso, o estado ainda apresenta áreas disponíveis para agricultura durante o período safrinha, sendo o cártamo uma opção para cultivo neste na segunda safra, onde abre oportunidade para o uso de uma cultura não convencional, com um melhor aproveitamento das áreas que estariam disponíveis, permitindo aumento de renda na propriedade (Leite et al., 2013).

Diversos trabalhos realizados com cártamo demonstram sua capacidade de produção no Brasil (Zoz, 2015; Guidorizzi, 2016; Olivo, 2017), onde os genótipos foram introduzidos pelo Instituto Mato-grossense do Algodão (IMA-MT), cujos materiais vieram dos EUA (Silva, 2013). No entanto, é necessário realizar estudos da caracterização dos genótipos disponíveis nas condições climáticas locais.

Desta forma, o objetivo deste trabalho é caracterizar genótipos de cártamo com base nas suas características agronômicas e morfológicas com intuito de fornecer as diretrizes iniciais para um programa de melhoramento no estado do Mato Grosso, Brasil.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 *Carthamustinctorius* L.

O *Carthamustinctorius* é uma das culturas mais antigas do mundo (Ashri e Knowles, 1960; Dajue e Mundel, 1996; Silva, 2013; Lima, 2014; Bortolheiro, 2015). Knowles (1969) propõe sete centros de diversidade para a evolução do germoplasma de cártamo, incluindo o Extremo Oriente, a Índia-Paquistão, o Oriente Médio, o Egito, o Sudão, a Etiópia e a Europa. O centro do Oriente Médio foi subdividido em três pools genéticos do Irã-Afeganistão, Israel-Jordânia-Iraque-Síria e Turquia (Ashri, 1975).

A palavra “carthamus” vem do árabe “kurthum” que por sua vez vem do hebraico “kartami” que significa tingir (Zahran et al., 2007). Possui várias denominações, conforme a região e o país (Medeiros, 2011), como falso açafão, açafão bastardo, açafão de pobre e açafão de tintureiro. O nome popular deve-se ao seu uso como um substituto mais barato do açafão (Weiss, 1983; Moura et al., 2015).

A identificação, multiplicação, avaliação e conservação de recursos genéticos contribuem para o desenvolvimento do cártamo (Perveen, 2016), diante disso, pesquisadores de vários países realizaram expedições para coleta de genótipos de *C. tinctorius* (Singh e Nimbkar, 2006), e cada genótipo coletado recebe um código chamado de número de introdução da planta (McGuire et al., 2012).

Para desenvolvimento da cultura, a avaliação de uma coleção básica de cártamo pode facilitar o uso de seus recursos genéticos para melhorar as características de interesse e simplificar o gerenciamento dos bancos de germoplasma (Dwivedi et al., 2005).

O Instituto Internacional de Recursos Genéticos Plantas-IBPGR com o objetivo de conservar recursos genéticos para futuros programas de melhoramento de plantas, desenvolveu um conjunto mínimo de descritores considerados satisfatórios para gestão de coleções de germoplasma de *C. tinctorius* (Cross et al., 1992).

A distribuição mundial de genótipos de cártamo é feita através dos bancos de germoplasmas espalhados pelo mundo, como no caso da Índia que possui o

“Germplasm Management Unit” e têm aproximadamente 7.300 genótipos de cártamo, nos EUA 2.300 genótipos são guardados no “Western Regional Plant Introduction Station”, a China possui o “Safflower Research Group Beijing Botanical Garden”, que é terceiro maior banco de germoplasma mundial (Silva, 2013)

No Brasil o *C. tinctorius* é distribuído pelo Instituto Mato-grossense do Algodão com genótipos que vieram dos EUA (Singh e Nimbkar, 2006; Mundel e Bergman, 2009; Silva, 2013) e através de convênios com o Centro Nacional de Recursos Genéticos-CENARGEN, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) que realiza pesquisas com genótipos provenientes do “Western Regional Plant Introduction Station” (WRPIS) (Silva et al., 2008).

A planta pertence à ordem Synandrales (Sehgal e Raina, 2005), família asteraceae (Dajue e Mundel, 1996), mesma família botânica do girassol, gênero *Carthamus* e a espécie *Carthamus tinctorius* L. (Singh e Nimbkar, 2006), sendo única cultivada mundialmente como oleaginosa (Sehgal e Raina, 2011) e duas subespécies: *C. tinctorius inermis* e *C. tinctorius typicus*, onde a primeira não possui espinhos (Abud et al., 2010). É uma espécie diplóide com um número de cromossomos que varia de  $2n = 20, 22, 24, 44$  e  $64$ . (Singh e Nimbkar, 2006).

A estrutura do cártamo apresenta porte herbáceo, caule ereto e ramificado, com altura variando entre 0,4 e 2,0 m e sistema radicular pivotante que pode atingir até 3,0 m de profundidade (Montoya, 2010; OGTR, 2018). É adaptada a diversas condições climáticas e diferentes tipos de solo, exigindo precipitações entre 300 a 600 mm por ciclo vegetativo, mas não tolera encharcamento de solo (Emongor, 2010), podendo reduzir seu rendimento e favorecer para desenvolvimento de doenças foliares (Mundel et al., 2004), além de ser resistente às pragas, sendo então utilizado pouca quantidade de defensivos agrícolas, diminuindo o custo de produção (Medeiros, 2011).

Temperaturas entre 20 e 35 °C é a faixa ideal para o seu bom desempenho (Coronado, 2010). Suporta grandes variações de temperaturas que podem variar de -7 a 40 °C dependendo do seu estágio de desenvolvimento (Oelke et al., 1992). Para que a cultura possa desenvolver de maneira mais eficiente, devem-se levar em consideração fatores genéticos, condições de solo, clima e em especial a radiação

solar, pois a fotossíntese é fator decisivo na produtividade da cultura (Argenta et al., 2001).

É uma planta predominantemente autógama, com uma taxa superior a 90% de autofecundação, embora existam genótipos que apresentam em torno de 50% de fecundação cruzada. O vento tem pouca importância no transporte de pólen, entretanto as abelhas são os principais agentes polinizadores. Apesar de apresentar uma taxa considerável de cruzamentos, os métodos de melhoramento adotados são aqueles comumente empregados para espécies autógamas (Dajue e Mundel, 1996; Gerhardt, 2014).

Durante seu ciclo, a cultura apresenta diferentes fases de desenvolvimento compreendidas em: emergência, roseta, alongamento do caule, ramificação, floração e maturação (Guidorizzi, 2016). O ciclo da cultura varia de 90 a 140 dias (Weiss, 2000), podendo ser antecipado ou adiado, dependendo do genótipo cultivado e das condições ambientais (Oelke et al., 1992; Silva, 2013; OGTR, 2018) e com uma produção estimada em 1 a 3 toneladas ha<sup>-1</sup> (Bortolheiro, 2015).

A germinação ocorre entre 3 a 8 dias após a sementeira; o estágio de roseta é o crescimento lento da planta e com diversas folhas produzidas próximas ao nível do solo, podendo durar de 3 a 6 dias. Esta é a etapa mais crítica do desenvolvimento da planta por apresentar um crescimento lento, que a torna bastante sensível à competição por nutrientes, água e luz com plantas invasoras (Oelke et al., 1992; Silva, 2013).

O caule inicia seu crescimento após o estágio de roseta, com um comprimento final que varia de 30 a 200 cm (Rocha, 2005; OGTR, 2018). A planta possui diversas ramificações que são classificadas em primárias, secundárias e terciárias, nas quais surge uma inflorescência que é denominada capítulo, onde número de capítulos produzido é de acordo com o genótipo, ambiente e o manejo cultural (Singh e Nimbkar, 2006).

Cada ramificação produz de 1 a 5 capítulos com flores na coloração branca, amarela, laranja ou vermelha (Burkart, 1979; Dantas et al., 2011; Galant et al., 2015), onde cada capítulo produz em média de 15 a 30 sementes (Mundel et al., 2004), podendo estar com ou sem papus (tufos de pelos presente na semente) (Singh e Nimbkar, 2006).

Apresenta folhas de diferentes tamanhos e formas em uma única planta, de forma geral variam de 2,5 - 5,0 cm de largura e de 10,0 – 15,0 cm de comprimento. As folhas das hastes inferiores são rígidas, curtas, dentadas e com recortes profundos, as que constituem o involúcro das brácteas são ovadas e oblongas e as localizadas no terço médio da planta são lanceoladas e serradas durante o desenvolvimento vegetativo e tornam-se duras e com fortes espinhos durante o florescimento pleno (Moura et al., 2015). A floração tem início na haste central e se espalha para fora, sendo que o estágio de flor dura 14 a 21 dias variando em função do genótipo e das condições climáticas (Mundel et al., 2004).

A maturidade fisiológica ocorre de 4 a 6 semanas após o início da floração e o ponto ideal para colheita se dá entre 2 a 3 semanas após a maturidade fisiológica, quando as plantas se encontram completamente senescidas, apresentando folhas e capítulos na coloração marrom (Silva, 2013), nesta fase, a umidade das sementes fica em aproximadamente 10% (Guidorizzi, 2016). Apresenta semente com característica eurispérmica, devido ao formato irregular com a base arredondada e o ápice achatado tendo normalmente 6,8mm de comprimento, 4,2mm de altura e 3,3mm de espessura, com a coloração branca amarelada (Abud et al., 2010).

O manejo não necessita de uso de tecnologias específicas para a cultura, portanto para a semeadura pode-se utilizar os implementos já utilizados para as demais culturas agrícolas. Diante das características agrônômicas do cártamo, acredita-se no seu potencial produtivo no Brasil (Silva, 2013; Flemmer et al., 2014; Bortolheiro, 2015), pois oferece alta resistência à falta de água, à baixa umidade relativa do ar, temperaturas extremas, aos ventos fortes e quentes e também a salinidade (Lovelli et al., 2007). Com isso, tem-se uma alta capacidade de adaptação às adversidades climáticas, podendo ser cultivada em praticamente toda época do ano (Dantas et al., 2011; Santos e Silva, 2015), com 2 colheitas durante o ano (Medeiros, 2011).

## **2.2 Utilização, produção e cultivo de cártamo**

Devido ao reconhecimento de suas inúmeras serventias (Sehgal e Raina, 2009) com propriedades funcionais com alto valor industrial e alimentar (Golkar,



2018), o cultivo de cártamo é difundido pelo mundo com diferentes utilidades (Rocha, 2005).

Inicialmente o interesse no cultivo de cártamo foi principalmente por suas folhas e flores, onde um chá era feito a partir de suas folhas e usado para prevenir aborto e infertilidade em mulheres (Weiss, 1983). Os “curandeiros” recomendam a utilização de folhas e raízes frescas ou desidratadas por apresentar compostos afrodisíacos (Knowles, 1969). Folhas jovens e raízes frescas são consumidas cozidas, com legumes, curry ou arroz na Índia, Paquistão e Birmânia (Moura et al., 2015). Também pode ser utilizado como feno e silagem, pois apresenta características nutricionais de interesse, com rendimento semelhante ou melhor do que a aveia ou alfafa (Smith, 1996).

As flores de cártamo também são utilizadas para fabricação de chás (Li e Han, 1993), utilizadas no tratamento de doenças cardiovasculares e em dores e inchaços pelo corpo por proporcionar efeitos anestésicos (Qi et al., 1984). Suas flores recomendadas para tratar doenças respiratórias (Wang e Yili, 1985), por conter minerais e vitaminas B1, B2, B12 e C (Weiss, 1971) e seu uso contínuo acarreta em efeito revigorante no organismo humano e melhora a circulação do sangue (Wang e Yili, 1985). Além de produzir a cartamina (substância industrial extraída das flores) utilizada na fabricação de corantes usados para colorir roupas e alimentos (Weiss, 1983; Smith, 1996).

Mais recentemente, o interesse está voltado à extração de óleo de suas sementes (Armah-Agyeman et al., 2002), é uma fonte de óleo comestível apreciada por consumidores ao redor do mundo, o qual, não se oxida facilmente (Mundel et al., 2004), estável em altas temperaturas (Dajue e Mundel, 1996) e sua consistência permanece a mesma em baixas temperaturas (Weiss, 1971).

Várias pesquisas são realizadas com o consumo do óleo de cártamo e evidenciam que o mesmo é benéfico à saúde humana por possuir diversas propriedades medicinais, das quais destacam-se: a prevenção e o tratamento de hiperlipidemia com redução nas concentrações de triglicerídeos, colesterol total e lipoproteína de baixa densidade (LDL), redução das lesões ateroscleróticas, prevenindo hipertensão e estimulação do sistema imunológico (Schulze et al., 2014).

Existem diversos medicamentos à base de cártamo, pois atua na cura de diversas anomalias (Emongor, 2010; Danieli et al., 2011), apresenta-se como fonte de vitamina E (Lu et al., 2004), vitaminas (tiamina (B1) e  $\beta$ -caroteno) e tocoferol  $\alpha$ ,  $\beta$  e  $\gamma$  (Velasco et al., 2005), com grãos ricos em minerais (Zn, Cu, Mn e Fe)(Rahamatalla et al., 2001), proteínas, minerais, compostos fenólicos, flavonoides, alcaloides, ácidos carboxílicos, polissacáridos, esteróides e quinonas esses compostos têm diversas funções farmacológicas (Al-Snafi, 2015).

Têm diversas formas de utilização do óleo, além do preparo alimentício como uso em saladas, margarina e fritura de alimentos, ainda é empregado na produção de cosméticos (Mundel et al., 2004), na iluminação e fabricação de sabão (Weiss, 1971;Singh e Nimbkar, 2006).

Os grãos tem seu uso “in natura” sendo triturados e misturados com água para preparar uma bebida chamada “fitfit”, utilizada em dias de jejum, e também podem ser triturados e utilizados para fazer mingau, as sementes torradas são geralmente são misturadas com outros grãos, como cevada e trigo, e adicionadas em pães ou consumidas como farelos (Smith,1996; Bortolheiro, 2015).

A torta gerada após o processo de extração do óleo de cártamo é uma fonte de proteína bruta que pode ser utilizada como coproduto para alimentação de animais, o que engrandece ainda mais o seu valor agregado para o pequeno agricultor (Brás et al., 2014).

Apresenta teores satisfatórios de ácido oleico (Ômega 9) e ácidos linoleico (Ômega 6) (Hamdan et al., 2008), o alto teor linoleico facilita seu uso para fins industriais como preparação de vernizes, biodiesel e surfactantes (Dajue e Mundel, 1996). Devido ao potencial para produção de biocombustíveis, pesquisas buscam aumentar sua produtividade e, conseqüentemente, o rendimento do teor de óleo das sementes (Ullah e Bano, 2011; El-Lattief, 2012).

É cultivado em cerca de 60 países ao redor do mundo, com área plantada equivalente a 1 milhão de hectares, com produção estimada em 700 mil toneladas/ano (Mouraet al., 2015). O México é o maior produtor mundial com produtividade de aproximadamente 144,4 milt ha<sup>-1</sup>. O Cazaquistão ocupa o segundo lugar no ranking com produção de 135,4 milt ha<sup>-1</sup>, seguido pela Índia, com produtividade de 113 milt ha<sup>-1</sup>, os Estados Unidos da América com 96,64 milt ha<sup>-1</sup> e a Rússia 81,74 milt ha<sup>-1</sup>.

<sup>1</sup>completando o ranking dos cinco maiores produtores de cártamo (Magalhães, 2017). No Brasil, o cultivo restringe-se às áreas de pesquisas para avaliar seu potencial de ser cultivado no país, visto que esta se encaixa como cultura de segunda safra (Gerhardt, 2014).

De acordo com Zoz et al. (2012) o cártamo pode ser uma alternativa durante o período de segunda safra, principalmente na região do cerrado, podendo ser cultivado neste período de clima seco e quente (Dajue e Mundel, 1996). Características como ciclo de desenvolvimento curto e tolerância à deficiência hídrica, tornam o cártamo uma alternativa para o período de segunda safra, em sucessão às culturas tradicionais como soja e milho (Arantes, 2011; Guidorizzi, 2016), possibilitando a semeadura de até duas safras por ano abrindo oportunidade para cultivo em períodos em que essas áreas estariam em desuso (Santos e Silva, 2015).

Os primeiros trabalhos agrônômicos no Brasil foram realizados pelo Instituto Mato-grossense de Algodão (IMA-MT), avaliando o cártamo, pelo potencial de produção de óleo, em três regiões diferentes do estado de Mato Grosso, sendo Rondonópolis, Primavera do Leste e Nova Ubiratã em diferentes épocas de semeadura, entre os meses de março e maio. Pelos resultados encontrados, o cártamo apresenta um potencial a médio prazo para se tornar opções de culturas oleaginosas, para o cultivo no cerrado mato-grossense (IMA-MT, 2016).

Avaliando 18 genótipos de cártamo em relação a sua produtividade de grãos, teor de óleo e acúmulo de nutrientes no oeste do Paraná Paschoal (2016), encontrou valores de produção de 4531,8 Kg ha<sup>-1</sup>. Zoz (2012) avaliando os componentes de produtividade de cártamo e os caracteres de planta que estão relacionados com a produtividade de grãos obteve produção que chegou a 1974,2 kg ha<sup>-1</sup>. Pinto et al. (2015) avaliando componentes de produção e a produtividade de grãos de cártamo em função do tempo de implantação do sistema de semeadura direto e adubação nitrogenada de cobertura obteve produção em torno de 1.110,0 kg ha<sup>-1</sup>.

Trabalhos realizados em Botucatu/SP demonstra o interesse de institutos de pesquisas para cultivo de cártamo (Olivo, 2017). Buscando avaliar o acúmulo de matéria seca e de macronutrientes durante o ciclo, produtividade de grãos e exportação de macronutrientes por genótipos de cártamo em função da aplicação de nitrogênio em cobertura, Guidorizzi (2016) obteve como resultados da pesquisa,

produtividades de grãos que variaram de 1.706,0 até 2.119,0 kg ha<sup>-1</sup>. Em estudo de caracterização agrônômica e divergência genética de genótipos de cártamo Silva (2013) obteve uma produção média de 1.057,0 kg ha<sup>-1</sup>.

Avaliando o desempenho agrônômico e a divergência genética entre doze cultivares norte-americanas de cártamo, nas condições de cultivo no Brasil em condições de restrição hídrica extrema, passando por estiagem de 51 dias na fase reprodutiva Zoz (2015) obteve produtividade de 516 kg ha<sup>-1</sup>. Através desses resultados, observa-se o potencial de cultivo do cártamo, sendo necessários estudos de melhoramento genético e manejo, para extrair o máximo potencial da cultura (Olivo, 2017).

### **2.3 Melhoramento genético cártamo**

O primeiro passo para um programa de melhoramento é a existência de diversidade genética, neste sentido, estudos com a cultura do cártamo demonstram que existe diversidade entre seus genótipos, assim é possível otimizar o desenvolvimento de materiais genéticos em programas de melhoramento de plantas que envolvam hibridações (Johnson et al., 1999; Silva, 2013; Pearl e Burke, 2014; Zoz, 2015).

A diversidade genética do cártamo é expressa na forma de genótipos conservados em bancos de germoplasma, podendo ser avaliados por meio da caracterização do germoplasma, utilizando características morfológicas, agrônômicas, fisiológicas e moleculares (Rheinboldt et al., 2014). O conhecimento sobre as características dos diferentes genótipos auxiliam os programas de melhoramento, contribuindo para melhoria de suas características e suas propriedades nutricionais (Golkar, 2014).

Em um programa de melhoramento de cártamo o objetivo principal é o aumento do rendimento, com cultivares com elevados teores de óleo e com alta qualidade (Kisha e Johnson, 2012), o que significa mudar os teores e composição a dos ácidos graxos, principalmente os ácidos oleico e linoleico presentes no óleo de cártamo (Knowles, 1989; Coronado, 2010).

No entanto, para atender às exigências das condições locais, dos sistemas de cultivo e de requisitos do mercado, os objetivos também são direcionados para a obtenção de cultivares com resistência a pragas e doenças (Ekin, 2005). Pois vários patógenos causam doenças na planta do cártamo, como fungos, bactérias e vírus (Mundel et al., 2004).

Portanto, informações obtidas através dos descritores de cártamo auxiliam os melhoristas a controlar diferentes traços da planta e a evoluir para obtenção de novos genótipos (Singh e Nimbkar, 2006).

Melhoristas de cártamo geralmente usam variações do método genealógico por meio de seleções individuais de populações segregantes da geração F<sub>2</sub>, selecionando características altamente herdáveis, como precocidade, resistência a doenças, etc. Linhas uniformes das gerações F<sub>3</sub> ou F<sub>4</sub> com alta expressão de caracteres desejados também podem ser avançadas para testes, e os retrocruzamentos são utilizados para introduzir traços específicos (Li e Mundel, 1996), métodos estes que têm um papel significativo para recomendação de genótipos de alto rendimento (Golkar, 2014).

Para ter um eficiente programa de melhoramento, é necessário conhecer sua herança genética e a magnitude dos efeitos dos genes (Mirzashemi et al., 2014), pois o conhecimento da herança genética e informações sobre sua genética são utilizadas em estratégias de melhoramento para o desenvolvimento de novos genótipos (Upadhyaya e Nigam, 1994; Golkar et al., 2012; Golkar, 2018).

A maior parte dos programas de melhoramento de cártamo encontra-se na Índia, país que coordena um projeto de pesquisa com plantas oleaginosas (AICORPO) desde o final da década de sessenta e no início dos anos setenta incluiu a cultura do cártamo. Este projeto inclui empresas públicas de pesquisa e da iniciativa privada. Nos EUA os primeiros programas de melhoramento foram criados no início da década de quarenta com a participação da Universidade da Califórnia e várias empresas do setor privado (Mundel e Bergman, 2009).

Realizando um estudo genético para gerar informações aos programas de melhoramento genético Olivo (2017) avaliou 10 combinações de cártamo em dialelo completo em F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>, determinando a capacidade geral e específica de combinação, onde foi possível observar em todas as características avaliadas em F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> que a

contribuição da capacidade geral de combinação na variação genética das populações, evidencia ações gênicas aditivas para todas variáveis analisadas.

Golkar et al. (2011) desenvolveu diferentes híbridos de cártamo via cruzamentos dialélicos, as progênes F1 e F2 de oito cruzamentos foram utilizadas para investigar o modo de herança de ácidos graxos, óleo e proteína em sementes de cártamo. Os resultados indicaram diferenças significativas entre os pais para a capacidade geral e específica de combinação. Os resultados indicaram que os genótipos Cruz-K21 e Mex.22-191 poderiam ser empregados para a produção de linhagens de cártamo com alto teor de óleo e alto teor de ácido oleico.

Através da indução da esterilidade com ácido giberélico para a produção de sementes híbridas de cártamo Baydar et al. (2003) utilizaram sementes da linhagem espinhosa (5-154) e da variedade não espinhosa (Dincer 5-118). As plantas da variedade feminina não espinhosa foram expostas a várias concentrações de ácido para indução de esterilidade, resultando na redução da viabilidade do pólen de 81,6% para 6,7%, procedendo em uma hibridação química de sucesso na produção de cártamo híbrido.

O programa de melhoramento de cártamo do Instituto de Pesquisa Agrícola da Universidade de Trakya na Turquia busca desenvolver novas variedades com alta produtividade de óleo. Através do método da genealogia utilizado para segregação de populações desenvolvidas após a hibridação, a seleção de planta única é iniciada em F2 e termina em F7 com plantas selecionadas e replantadas. Como resultado do programa de reprodução de cártamo duas cultivares (Linax e Olax) foram desenvolvidas, apresentando alta produção e qualidade (Babaoglu e Guzel, 2015).

## **2.4 Análise multivariada**

O estudo da diversidade genética necessita do auxílio de técnicas estatísticas, para auxiliar no seu planejamento e na definição de estratégias dos programas de melhoramento (Ivoglio et al., 2008).

Para identificação da divergência genética, pode-se utilizar um grupo de genitores que podem ser de natureza biométrica ou preditiva, onde a técnica biométrica utiliza as análises dialélicas, que possibilitam determinar a capacidade

geral e específica de combinação e a heterose manifestada nos híbridos. E por não precisar da obtenção das combinações híbridas, os métodos preditivos destacam-se para identificação da divergência (Cruz e Regazzi, 1997; Cruz e Carneiro, 2003).

Para programas com grande quantidade de genótipos em seu banco de germoplasma, a técnica de análise multivariada é uma ferramenta útil para avaliação dos genótipos (Gerhardt, 2014), baseia-se em características quantitativas e qualitativas (Cruz e Regazzi, 2001), que são expressas em valores adimensionais, fornecendo as magnitudes de distância genética entre os genótipos, onde quanto menor for a distância entre os indivíduos, maior é a sua semelhança (Cruz, 2005; Oliboni, 2009).

Pode ser aplicada a qualquer delineamento experimental, contribuindo para identificação da diversidade genética entre diferentes populações de plantas, para a seleção de cultivares para hibridações e quando um grupo de características importantes é considerado semelhante, elimina-se essa duplicidade de genótipos dos bancos de germoplasma (Cruz, 1990).

Existem diversos métodos para estimar a diversidade genética através de análise multivariada, podendo-se citar o método dos componentes principais, variáveis canônicas ou os métodos de agrupamentos, que utilizam a distância generalizada de Mahalanobis ou a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade (Cruz et al., 2012).

As medidas de dissimilaridade fornecem parâmetros para identificação de progenitores (Gonçalves et al., 2014), uma vez que possibilita aumentar as chances de se obter genótipos superiores nas gerações segregantes (Carvalho et al., 2003) através da realização do cruzamento entre indivíduos mais distantes gerados por estas análises (Karasawa et al., 2005). A escolha do método mais adequado é determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados são obtidos (Cruz e Regazzi, 1997; Cruz e Carneiro, 2003).

Quando os dados biométricos são quantitativos é mais comum à utilização da distância Euclidiana média e/ou distância Generalizada de Mahalanobis (Cruz et al., 2004), sendo a Euclidiana média indicada para dados que não possuem repetições e quando os indivíduos são avaliados obedecendo a um delineamento experimental

ou dados que contenha repetições recomenda-se utilização da distância generalizada de Mahalanobis (Cruz, 2005).

Os dados são apresentados em uma matriz simétrica, e a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento, que têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (Bertan et al., 2006), sendo adequada para identificar os genótipos mais divergentes e com a probabilidade de sucesso nos cruzamentos (Cargnelutti et al., 2008).

Dentre os métodos de agrupamento, os de otimização e os hierárquicos são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006; Cruz et al., 2012). No método de agrupamento por otimização, o mais empregado é o método proposto por Tocher (Rao, 1952) e para o método hierárquico, o mais empregado é o método da ligação média não ponderada (UPGMA) (Cruz, 2010).

O método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade (Cruz e Regazzi, 1997; Cruz et al., 2004), sendo eficiente na discriminação dos indivíduos geneticamente, identificando os genótipos quanto à diversidade obtida. Os genótipos com menor distância entre si pertencem ao mesmo grupo de modo que a escolha de genitores de mesmo grupo não é interessante, pois resultam em variabilidade restrita dos parentais nas gerações segregantes (Benin et al., 2002).

A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, ou seja, as distâncias médias das mediadas de dissimilaridades dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (Cruz et al., 2012).

Uma variação do método de Tocher, o método de Tocher modificado, que difere do original pelo fato de ser adotado o critério de agrupamento inverso, diferenciado para a inclusão de indivíduos em cada grupo que é formado, passando a ser sequencial e não simultâneo, favorecendo o agrupamento de indivíduos com menor similaridade com maior eficiência, diferindo por não haver a influência do genótipo já agrupado. Apresenta como principal característica o agrupamento de mais genótipos em um mesmo grupo, reduzindo o número de grupos formados, não



corrompendo a eficiência no agrupamento, de forma a manter genótipos mais distantes geneticamente em grupos separados (Vasconcelos et al., 2007).

O método UPGMA é utilizado em grande escala no melhoramento vegetal na representação das distâncias em estudos multivariados (Bertan et al., 2006), que agrupa os pares por média aritmética, atribuindo pesos iguais a cada indivíduo do grupo, calculando a similaridade média de um indivíduo que se pretende agrupar ao grupo já existente (Mingoti, 2005).

Este método permite representar os agrupamentos em estruturas de dendrograma e para determinar a confiabilidade no ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a representação gráfica (Cruz, 2006), é determinado o coeficiente da correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962), onde é possível observar valores significativos para o método de agrupamento médio entre grupos, o qual varia entre 0,0 e 1,0. Neste caso, quanto maior for o CCC, menor será a distorção do agrupamento, apresentando bom ajuste entre a matriz e o dendrograma formado (Cruz e Carneiro, 2006).

A diferença básica entre os métodos de agrupamento Tocher e UPGMA refere-se ao fato de que o método de otimização de Tocher permite a formação de grupos mutuamente exclusivos, enquanto que os métodos hierárquicos apresentam uma grande possibilidade de números de grupos, cabendo ao pesquisador adotar aquele que melhor represente o agrupamento, com base no seu conjunto de dados (Bertan et al., 2006), sendo utilizados em conjunto por revelar correspondência na alocação dos genótipos avaliados nos grupos correspondentes, de forma que o UPGMA complementa o método de Tocher (Arriel et al., 2006).

Então a associação de métodos de agrupamento fornece um suporte mais eficiente para a determinação da divergência, pois o Tocher discrimina cada grupo e o UPGMA discrimina cada genótipo, podendo inferir com maior segurança no emprego de genitores em programas de melhoramento (Bertan et al., 2006).

Através da análise multivariada ainda é possível para quantificação da divergência genética utilizar o algoritmo de gower, uma técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos (Gower, 1971), sendo possível depois de obtida a matriz de distâncias, proceder os agrupamentos pelo método de otimização de Tocher e UPGMA. O algoritmo de gower é um procedimento de pouca

complexidade e que produz resultados confiáveis nas estimativas da diversidade genética (Quintal et al., 2012).

Os estudos de divergência genética, com a utilização de análise multivariada, têm sido proveitosos para a constituição de grupos com alta similaridade e para escolha de genitores divergentes nos programas de melhoramento (Rangel et al., 1991).

A análise multivariada têm sido utilizados por vários autores em diferentes culturas oleaginosas como: soja (Val et al., 2014; Sanchez, 2015; Grillo et al., 2016; Pereira e Soares 2017; Romani, 2018), amendoim (Ruschel et al., 2014; Torres et al., 2015; Buratto et al, 2016; Juliano, 2017; Noronha et al., 2018), algodão (Resende et al., 2014; Neto et al., 2015; Silva, 2016; Padovani, 2017; Shah et al., 2018), Girassol (Vogt et al., 2014; Peña, 2015; Poletine et al., 2016; Oliveira, 2017; Machado et al., 2017), Canola (Kruger et al., 2014; Almeida, 2015; Rameeh, 2016; Bassegio, 2017; Shojaei et al., 2018) e linhaça (Rheinboldt et al., 2014; Moura et al, 2015; Souza, 2016; Pagliosa et al., 2017; Wei et al., 2018).

Através da estatística multivariada Bortolheiro e Silva (2017) avaliaram as características fisiológicas e de produção de seis genótipos de cártamo em resposta ao déficit hídrico, detectaram que os genótipos IMA 04, IMA 10, IMA 14 apresentaram características fisiológicas de tolerância à seca, sendo o IMA 14 e o IMA 16 os mais produtivos após déficit hídrico, os genótipos IMA 02 e IMA 21 apresentam características intermediárias de tolerância seca, concluindo que os genótipos responderam diferentemente ao estresse hídrico, mostrando considerável variação genética e influência ao meio ambiente.

Determinando relações de rendimento, utilizando análises multivariadas por base de características agronômicas em 64 genótipos de cártamo Golkar et al. (2011) concluiu que o número de sementes por capítulos é o índice de seleção mais adequado para melhorar o rendimento de cártamo.

Khan et al. (2009) empregando a análise multivariada na avaliação da diversidade genética de 113 genótipos de cártamo de quarenta países diferentes, concluiu que a diversidade encontrada contribui para a melhoria do cártamo tanto para características agronômicas quanto para atributos de qualidade.

Com a aplicação da análise multivariada é possível ainda determinar a contribuição de cada variável para a divergência genética entre os genótipos estudados e um dos métodos utilizados é o proposto por Singh (1981). A contribuição relativa dos caracteres estimada pelo método de Singh avalia a importância dos caracteres na determinação dos valores da distância entre os genótipos (Cruz, 2006).

Desta forma é possível identificar a variável de maior ou menor importância dentre aquelas incluídas na análise, sendo possível considerar uma variável que possa ser descartada uma vez que sua exclusão não altere o padrão de agrupamento anteriormente obtido (Cruz e Regazzi, 2001).

O estudo deste método é de grande importância para os pesquisadores, pois possibilita avaliar com segurança a respeito das características que poderão ser utilizadas em estudos de diversidade genética. Portanto, conhecendo-se o grau de importância das variáveis, pode-se caracterizar uma coleção com uma boa precisão (aproximadamente 90%), com um menor número de descritores, diminuindo mão-de-obra, tempo e custos (Cruz e Regazzi, 2001).

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

Os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L. (Tabela 1) utilizados neste estudo foram oriundos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Instituto Mato-grossense de Algodão (IMA-MT), situada no município de Primavera do Leste-MT, e foram cedidos ao Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia da Universidade Estadual de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado” (UNEMAT), Campus de Cáceres-MT.

**Tabela 1.** Ordem, identificação e origem dos 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L. pertencentes ao Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia da UNEMAT, campus de Cáceres-MT

Ord.	PI	Origem	Ord.	PI	Origem	Ord.	PI	Origem	Ord.	PI	Origem
1	193473	Etiópia	33	306832	Índia	65	451954	Índia	97	572431	EUA
2	195895	Marrocos	34	306833	Índia	66	451956	Índia	98	572439	EUA
3	237539	Turquia	35	306838	Índia	67	506426	China	99	572450	EUA
4	248385	Índia	36	306844	Índia	68	508068	EUA	100	572464	EUA
5	248620	Paquistão	37	306866	Índia	69	514625	China	101	572544	Canada
6	248808	Índia	38	343783	Iran	70	525457	EUA	102	576981	China
7	248828	Índia	39	343930	Etiópia	71	537658	EUA	103	576985	França
8	248839	Índia	40	367833	Argentina	72	537673	EUA	104	613357	EUA
9	248852	Índia	41	369842	Armênia	73	537680	EUA	105	613361	EUA
10	250083	Egito	42	369845	Tajiquistão	74	537682	EUA	106	613366	EUA
11	250188	Paquistão	43	369849	Rússia	75	537684	EUA	107	613373	EUA
12	250190	Paquistão	44	369854	Uzbequistão	76	537697	EUA	108	613380	EUA
13	250203	Paquistão	45	392029	Turquia	77	537712	EUA	109	613382	EUA
14	250204	Paquistão	46	392030	Turquia	78	543980	China	110	613384	EUA
15	250840	Iran	47	392031	Turquia	79	544002	China	111	613394	EUA
16	250922	Iran	48	393500	Iran	80	544013	China	112	613404	EUA
17	251978	Turquia	49	401474	Bangladesh	81	544028	China	113	613409	EUA
18	253540	Hungria	50	401475	Bangladesh	82	544030	China	114	613415	EUA
19	253899	Síria	51	401477	Bangladesh	83	544031	China	115	613419	EUA
20	259996	Paquistão	52	401480	Bangladesh	84	544036	China	116	613422	EUA
21	259997	Paquistão	53	401578	Índia	85	544038	China	117	613456	EUA
22	262443	Espanha	54	401589	Índia	86	544043	China	118	613503	EUA
23	262447	Cazaquistão	55	405955	Iran	87	560178	EUA	119	613519	Iran
24	262450	Índia	56	405961	Iran	88	532639	Índia	120	638543	Canada
25	279344	Japão	57	405965	Iran	89	568787	China	121	653143	EUA
26	283757	Índia	58	405970	Iran	90	568792	China	122	653149	China
27	304438	Iran	59	405975	Iran	91	568795	China	123	653162	China
28	305161	Índia	60	406006	Iran	92	568798	China	124	653186	China
29	305198	Índia	61	406007	Iran	93	568836	China			
30	305207	Índia	62	406015	Iran	94	568866	China			
31	305209	Índia	63	407606	Turquia	95	568870	China			
32	305540	Cazaquistão	64	407613	Turquia	96	568876	China			

### 3.1 Localização e condução do experimento

O experimento foi realizado na área experimental pertencente à Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (Empaer), situada na latitude 16°43'42" Sul e longitude 57°40'51" Oeste com altitude de 118 metros, localizado no município de Cáceres-MT, na BR 070.

O clima característico da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo tropical, quente, úmido e inverno seco (Awa), com período de regime de chuvas variando de outubro a abril, e de seca de maio a setembro (Dallacort et al., 2014). O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Eutróficochernossólico, de textura média argilosa (Arantes et al., 2012).

Antes da implantação do experimento realizou-se a coleta de amostras de solos para determinação da análise química do solo, tomadas à profundidade de 0-20 e 20-40 cm, conforme mostra a Tabela 2.

**Tabela 2.** Análise química e textura do solo de amostras retiradas na profundidade de 0-20 e 20-40 cm da área experimental

Perfil	Análise Química									
	pH	pH	P	K	Ca+Mg	Ca	Mg	Al	H+Al	M.O
	H <sub>2</sub> O	CaCl <sub>2</sub>	mg dm <sup>-3</sup>		Cmolc dm <sup>-3</sup>					g dm <sup>-3</sup>
0 – 20	6,2	5,5	16,6	0,37	3,3	2,7	0,6	0,0	3,0	25
20 - 40	6,0	5,3	6,0	0,24	2,9	2,1	0,8	0,0	3,2	29

### 3.2 Semeadura e tratos culturais

Foi realizada a adubação para semeadura, de acordo com a recomendação da análise de solo e baseado nas necessidades da cultura do girassol. Foram aplicados 80g do composto N- P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> - K<sub>2</sub>O (formulação 4-14-8) distribuído uniformemente pela unidade experimental.

A unidade experimental foi composta de 4 linhas de 1 m totalizando 124 unidades experimentais, dispostas no espaçamento 0,50 m x 0,10 m entre e dentro de fileiras, respectivamente, analisando-se apenas as linhas centrais de cada parcela

na avaliação dos tratamentos. A semeadura foi realizada de forma manual no dia 1 de maio de 2018, a uma profundidade de em torno de 0,05 m.

Foram adotadas medidas básicas de manejo, tais como a capina manual, de forma a não prejudicar o desenvolvimento da cultura. A irrigação foi realizada por aspersão sempre que necessário, com o objetivo de manter as condições de umidade ideais para o desenvolvimento da cultura. E a colheita foi realizada manualmente de acordo com o período de cada genótipo.

### **3.3 Características avaliadas**

Os parâmetros foram avaliados de acordo com os descritores preconizados pelo International Board for Plant Genetic Resources - IBPGR (1983) e Ministério Agricultura Pecuária e Abastecimento-MAPA(2013).

#### **3.3.1 As características agronômicas avaliadas foram:**

A - Dias para florescimento (FLORESC): obtido pelo número de dias desde a semeadura até florescimento de 50% das plantas com pelo menos uma inflorescência aberta.

B – Ciclo da Planta (CICLO): obtido pela razão entre o número de dias da semeadura até a época de colheita, das plantas em cada tratamento;

C - Número de Ramificações/planta (NRP): Contagem do número de ramificações presentes em toda a haste, a partir do colo até a extremidade da haste principal.

D - Altura da Planta (ALTP): Medida obtida em centímetros entre a superfície da planta e o ápice das plantas, com o uso de régua graduada.

E - Número de Capítulos/planta (NCP): Determinado mediante a contagem do número total de capítulos por planta.

F - Número de sementes/capítulo (NSC): Determinado mediante a contagem do número total de sementes por capítulo.

G - Diâmetro do capítulo (DCAP): Medida obtida em milímetros com auxílio de um paquímetro digital.

H - Diâmetro do caule (DCAU): Medida obtida em milímetros com auxílio de um paquímetro digital, realizando uma Média de três medições do caule (base, meio e ápice).

I - Peso de 100 sementes (P100): Realizada por meio de contagem ao acaso de quatro amostras realizando posteriormente a pesagem de cada uma obtendo-se a média em (g).

J - Tamanho da Semente (comprimento (TSC) e largura (TSL)): Medida obtida em centímetros com auxílio de um paquímetro digital.

K - Produtividade por planta (PROD): expressa em g/planta, obtida pela razão entre o peso total das sementes produzidas pelo seu respectivo número de plantas.

### **3.3.2 As características morfológicas avaliadas foram:**

A - Ângulo dos Ramos (AR): é determinado com auxílio de um transferidor graduado (instrumento semicircular utilizado para medir ângulo), medindo de zero a cento e oitenta graus. O instrumento será posicionado entre a ramificação e o caule principal, tendo assim o valor do ângulo dos ramos em graus ( $^{\circ}$ ), onde (0) Sem ramos ( $0^{\circ}$ ); (3) Apressado ( $15^{\circ}$ - $20^{\circ}$ ); (5) Intermediário ( $20^{\circ}$ - $60^{\circ}$ ); (7) Espalhando ( $60^{\circ}$ - $90^{\circ}$ ) e (9) Caindo ( $>90^{\circ}$ ).

B - Hábito Crescimento (HC): é determinado pelo crescimento dos ramos e pelo florescimento da planta, classificado em determinado ou indeterminado de porte (1) Ereto; (2) Ereto a Semiereto; (3) Semiereto; (4) Semiereto a horizontal e 5 - Horizontal.

C - Brácteas Envolvendo a Cabeça (BC): determinada visualmente através (1) Ausência ou (2) Presença de brácteas.

D - Cor da Flor (CFL): determinada visualmente, onde (1) Branco; (2) Amarelo; (3) Laranja; (4) vermelho.

E - Margens da Folha (MF): determinada visualmente, onde (1) Margem Inteira; (2) Margem Serrada ou pouco dentada; (3) Muito dentada.

F - Forma da Folha (FF): determinada visualmente, onde (1) Ovada; (2) Oblong; (3) Lanceolada; (4) Linear.

G - Cor da Folha (CFO): determinada visualmente, onde (1) Verde Claro; (2) Verde Escuro; (3) Cinza; (4) Outras cores.

H - Forma do Capítulo (FC): determinada visualmente, onde (1) Cônico; (2) Oval; (3) Achatado.

I - Pilosidade da Folha (PF): determinada visualmente através (1) Ausência ou (2) Presença de pelos.

J - Espinhos (ESP): determinada visualmente através (1) Ausência ou (2) Presença de espinhos.

K - Intensidade dos Espinhos (IES): determinada visualmente através (1) Ausência, (3) Baixo, (5) Médio e (7) alta.

L - Cor da Semente (CS): determinada visualmente, onde (1) Branco; (2) Creme; (3) Castanho; (4) Preto; (5) Cinza; (6) Outras.

M - Forma da Semente (FS): determinada visualmente, onde (1) Oval; (2) Cônico; (3) Crescente.

N - Pappus(PP): determinada visualmente através (1) Ausência ou (2) Presença de pappus.

O - Tombamento (TB): determinada visualmente, onde (1) mais de 50% de cada tratamento tombadas; (2) menos 50% de cada tratamento não tombou ou não apresentou tombamento.

P - Maturidade (MT): determinada visualmente, onde (1) Uniforme ou (2) Desuniforme).

### **3.4 Análises estatísticas**

#### **3.4.1 Análise Multivariada**

A Análise Multivariada foi utilizada para avaliar a divergência entre os genótipos, com base na Distância Euclidiana Média ( $d_{ii}$ ) para os caracteres agrônômicos empregando-se a Contribuição Relativa dos Caracteres pelo método de Singh (1981) e de Agrupamento, pelos métodos de otimização via Tocher (Rao, 1952) e o método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA). E via



variáveis multicategóricas para os descritores morfológicos procedendo-se do agrupamento pelo método de otimização de Tocher modificado e UPGMA.

Também foi quantificada a divergência genética com base nos descritores quantitativos e qualitativos de forma simultânea por meio do algoritmo de Gower (1971), posteriormente, os dados da análise em conjunto foram agrupados pelo método Tocher modificado e UPGMA. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software Genes (Cruz, 2013).

### 3.4.2 Distância Euclidiana Média

De acordo com Sartorio (2008) para que se possa proceder ao agrupamento de elementos, é necessário definir a medida de dissimilaridade a ser utilizada. No presente experimento a dissimilaridade entre os genótipos foi estimada pela distância Euclidiana Média obtidas por meio da seguinte equação:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

Onde:

$d_{ii'}$  corresponde à medida de dissimilaridade;

$n$  é o número de caracteres analisados;

$x_{ij}$  é o valor observado na  $i$ -ésimo genótipo em referência a  $j$ -ésimo característica.

### 3.4.3 Análise de Agrupamento

As análises de agrupamento reúnem os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos, sendo adequada para identificar os genótipos mais divergentes e os mais similares (Cargnelutti Filho et al., 2008). Para o agrupamento dos genótipos foi empregado o método de Otimização de Tocher e o método Hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA).

### 3.4.4 Método de Otimização de Tocher

O método de Otimização de Tocher foi realizado utilizando a matriz de dissimilaridade, na qual é identificada a combinação de indivíduos mais dissimilares e os mais similares, formando assim os grupos iniciais (Cruz et al., 2012). Este método segue com possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, ou seja, as distâncias médias das medidas de dissimilaridades dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (Cruz e Regazzi, 1994; Cruz e Carneiro, 2003; Cruz, 2006). Para estabelecimento dos grupos, sendo a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

Para a inclusão ou não do indivíduo k no grupo é considerado:

- se  $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$ , inclui-se o indivíduo k no grupo;

- se  $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$ , o indivíduo k não é incluído no grupo;

Sendo n o número de indivíduos que constitui o grupo original.

Para determinar a distância média intragrupo têm-se:

$$\bar{d}_i = \frac{2 \sum_{j>}^n \sum_{j'}^n d_{jj'}}{n(n-1)}$$

E para determinar a distância média intergrupo têm-se:

$$\bar{d}_{i'i'} = \frac{\sum_{j=1}^{n_1} \sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'}}{n_1 n_2}$$

Onde:

$n_1$  e  $n_2$  são o número de genótipos dentro dos grupos i e i', respectivamente.

### 3.4.5 Tocher Modificado

O grupo inicial é formado da mesma forma que no método original. Já a decisão de incluir um indivíduo no grupo é tomada por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo ( $\theta_1$ ) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo. Na formação do próximo grupo, o procedimento é similar, diferindo apenas pelo fato de que é o valor máximo ( $\theta_2$ ) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo, porém excluindo as informações daqueles anteriormente agrupados, e assim sucessivamente (Vasconcelos et al., 2007).

### 3.4.6 Método Hierárquico de UPGMA

Segundo Cruz (2006) o método hierárquico UPGMA permite representar os agrupamentos em estruturas de dendrograma onde os genótipos avaliados são agrupados aos pares, utilizando médias aritméticas da dissimilaridade, priorizando os indivíduos mais similares, os quais são reunidos, formando grupo inicial, e a partir daí calcula-se as distâncias entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Onde:

$d_{(ij)k}$  é dado pela média das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma novas distâncias serão estimadas de forma que se um genótipo k for incorporado a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação ao genótipo (l) ou a outro grupo (lm), é dado por:

$$d_{(ij.k)l} = \frac{d_{il} + d_{jl} + d_{kl}}{3}$$

E

$$d_{(ij)lm} = \frac{d_{il} + d_{im} + d_{jl} + d_{jm} + d_{kl} + d_{km}}{6}$$

Para determinar a confiabilidade no ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a representação gráfica, é determinado pelo teste t o coeficiente da correlação cofenética (CCC). Proposto por Sokal e Rohlf (1962), o (CCC) quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (Cruz e Carneiro, 2006). Varia entre 0,0 e 1,0 e quanto maior o valor obtido para o CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos. Dessa forma, Monteiro et al. (2010) ressalta que quanto mais próximo da unidade, melhor a representação da matriz de dissimilaridade na forma de dendrograma.

Dada pela expressão abaixo proposta por Bussab et al., (1990):

$$CCC = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\left( \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2 \right)^{\frac{1}{2}} \left( \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2 \right)^{\frac{1}{2}}}$$

Em que:

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij}$$

$$\bar{d} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n d_{ij}$$

Onde:

$d_{ij}$  = é o valor da distância entre os indivíduos i e j na matriz cofenética;

$d_{ij}$  = é o valor da distância entre os mesmos indivíduos na matriz original de distâncias;

n = é a dimensão da matriz.

### 3.4.7 Contribuição Relativa dos Caracteres pelo método de Singh (1981)

Para quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética foi utilizado o método proposto por Singh (1981), baseado na distância euclidiana média, utilizada nos dados quantitativos agronômicos.

### 3.4.8 Índice de dissimilaridade de Gower (1971)

Foi utilizado para avaliar simultaneamente as características qualitativas e quantitativas, gerando a estimativa de um índice único de dissimilaridade que varia de 0 a 1. A dissimilaridade é dada por:

$$d_{ij} \frac{\sum_{k=1}^p w_{ijk} d_{ijk}}{\sum_{k=1}^p w_{ijk}}$$

em que:

i e j = indivíduos a serem comparados em relação a característica k; p = número total de características; e

$d_{ij}$  = a contribuição da variável k para a distância total.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análise Multivariada para caracteres Agronômicos

#### 4.1.1 Medidas De Dissimilaridade

Através das medidas de dissimilaridade genética estimada a partir da distância Euclidiana Média ( $d_{ii}$ ) em relação a 12 características agronômicas, pode-se verificar que as magnitudes de dissimilaridade obtidas através da matriz de dissimilaridade variaram de 0,07 a 0,57, indicando a presença de diversidade genética entre os genótipos avaliados.

As magnitudes de dissimilaridade existentes em um determinado grupo de genótipos possibilita verificar a sua divergência genética e está intimamente ligada com o grau de heterose encontrado na espécie em estudo (Gaur et al., 1978; Oliveira et al., 2003).

Em trabalho realizado por Zoz (2015), avaliando a divergência genética de cultivares de cártamo encontrou proximidade nos resultados para a divergência encontrada, no entanto este trabalho avaliou um número menor de genótipos o que possibilita variações entre as magnitudes estimadas, onde a magnitude de dissimilaridade encontrada variou entre 0,17 a 6,17.

A maior distância encontrada foi entre os genótipos 38 e 118 com valor de dissimilaridade de  $d_{ii} = 0,57$ , de acordo com dados do campo, estes materiais divergiram principalmente para três descritores. O genótipo 118 foi superior para as variáveis NRP, NCP e PROD se comparado ao genótipo 38.

Infere-se que quanto maior o resultado para a variável NRP de cártamo, maior também será os valores para as variáveis NCP e PROD, pois de acordo com Silva (2013) existe uma correlação positiva entre número de ramificações, número de capítulos por planta e a produtividade.

A dissimilaridade entre esses materiais mais distantes indica a possibilidade de que esta combinação possa gerar indivíduos com maior variabilidade quando usados em cruzamento. De acordo com Giboriet al. (1978), cruzamentos que

envolvem genitores mais divergentes tendem a gerar populações de ampla variabilidade genética.

Já a combinação de menor magnitude de distância, foi observada entre os genótipos 24 e 29 com valor de dissimilaridade de  $d_{ii'} = 0,07$ , comportando-se como os mais similares entre os demais materiais, apresentando proximidade para todas as características avaliadas.

De acordo com Silva et al. (2012) baixos valores de dissimilaridade sugerem não haver êxito caso sejam realizados cruzamentos entre esses materiais, devido à estreita base genética existente entre eles.

Com relação aos genótipos analisados percebeu-se que a diversidade genética pode estar diretamente relacionada com a localidade geográfica, pois, a combinação mais dissimilar ocorreu entre genótipos 38 e 118, materiais de origem distintas, Iran e EUA respectivamente, e a menor magnitude foi apresentada entre os genótipos 24 e 29, ambos da Índia.

No entanto, deve-se frisar que apesar de os genótipos 24 e 29 possuírem a mesma origem, há possibilidade de que esses materiais tenham vindos de regiões distantes geograficamente devido a vasta extensão do território indiano. Portanto, não é possível atribuir a diversidade genética encontrada entre os genótipos de cártamo somente devido à sua origem geográfica

De acordo com Almeida (2015) a diversidade genética ocorre independente da origem geográfica, indicando que não há estruturação genética das populações no espaço geográfico e reforça a hipótese de restrição ao fluxo gênico.

#### **4.1.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher e Hierárquico do UPGMA**

O método de agrupamento de Tocher baseado pela matriz  $d_{ii'}$  alocou os 124 genótipos de cártamo, com base em 12 características agrônômicas, em 13 Grupos distintos (Tabela 3).

De acordo com Benin et al. (2002) genótipos com menor distância entre si pertencem ao mesmo grupo de modo que a escolha de genitores de mesmo grupo

não é interessante, pois resultam em variabilidade restrita dos parentais nas gerações segregantes.

**Tabela 3.** Representação agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L

Grupos	Genótipos	%
I	24, 29, 28, 4, 27, 52, 33, 13, 102, 106, 45, 66, 35, 49, 47, 25, 70, 36, 92, 46, 109, 1, 79, 10, 85, 91, 14, 64, 37, 11, 88, 113, 105, 7, 57, 121, 18, 56, 21, 17, 9, 54, 65, 86, 44, 8, 104, 58, 39, 63, 3, 20, 94, 50, 40, 31, 12, 51, 41, 123, 101, 67, 124, 55, 111, 34, 107, 110, 84, 72, 30, 96, 73, 77, 90, 112, 115, 116, 68, 59, 42, 32, 26, 6, 117, 43, 89, 19, 98, 103, 2, 48	74,40
II	69, 80, 87, 60, 97, 62, 74, 61, 83, 75	8,00
III	16, 76, 53	2,40
IV	38, 81, 95	2,40
V	15, 93, 114, 119	3,20
VI	99, 108	1,60
VII	5, 71	1,60
VIII	82, 120, 22	2,40
IX	78	0,80
X	100	0,80
XI	23	0,80
XII	122	0,80
XIII	118	0,80
<b>Total</b>	<b>124</b>	<b>100,0</b>



A divergência genética dentro de cada grupo é restrita, e a formação desses grupos contribui na escolha de possíveis genitores dentro de um programa de melhoramento. Analisando os resultados apresentados pelo agrupamento de Tocher e os apresentados pela magnitude de dissimilaridade os indivíduos mais dissimilares estão alocados em grupos distintos, 38 e 118 localizados nos Grupos IV e XIII respectivamente, já os mais similares 24 e 29 estão localizados no mesmo grupo (I).

O Grupo I conteve 92 genótipos com 57% destes com origem asiática, o Grupo II apresentou 10 genótipos com maioria oriunda dos EUA (40%), os Grupos III, IV e VIII ficaram com três genótipos cada, com materiais de origens distintas, cada um de uma localidade com exceção do Grupo IV que apresentou dois genótipos de mesma origem (China) e um do Iran; O Grupo V ficou com quatro genótipos, apresentando materiais do Iran, EUA e China;

Os Grupos VI e VII foram formados com dois genótipos cada, sendo que o Grupo VI agrupou materiais de mesma origem (EUA) e o Grupo VII genótipos de origem diferentes (EUA e Paquistão); Os Grupos IX, X, XI, XII e XIII com um genótipo cada, apresentaram materiais da China, EUA e Cazaquistão. De acordo Benitez et al. (2011) grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tal indivíduo seja mais divergente em relação aos demais, já que os genótipos em grupos unitários são mais dissimilares em relação ao conjunto.

Os genótipos avaliados apresentam diversidade, e as características avaliadas foram responsáveis por caracterizar essa divergência, uma vez que é possível ressaltar que a distribuição dos genótipos em diferentes grupos foi aleatoriamente e não teve nenhuma relação com a localização geográfica para formação dos agrupamentos, pois materiais de origens distintas foram agrupados no mesmo grupo e materiais de mesma origem foram agrupados em grupos diferentes.

Resultado semelhante foi encontrado por Dambal e Patil (2016), em um estudo da divergência genética em genótipos de cártamo, onde a distribuição dos genótipos em diferentes grupos também foi aleatoriamente e não teve nenhuma relação com a origem geográfica.

Em trabalhos recentes utilizando método agrupamento Tocher com a cultura do cártamo tem-se encontrado proximidade nos resultados (Silva, 2013; Pavithra et

al., 2015), entretanto, estes trabalhos avaliaram um número diferente de genótipos o que possibilita variações entre os agrupamentos.

Silva (2013) inicialmente utilizou 926 genótipos de cártamo, os quais foram multiplicados e avaliados previamente, na etapa seguinte através de 100 genótipos selecionou-se potencialmente os 20 mais promissores e estimou a divergência genética com base em características agronômicas classificando os genótipos com base em Tocher em nove diferentes Grupos. O primeiro Grupo comportou o maior número de genótipos, totalizando seis materiais, os Grupos II e IV são representados por três genótipos, Grupos III e V com dois genótipos e o restante de agrupamentos com apenas um genótipo. Dentre as variáveis analisadas, duas delas estão intimamente relacionadas com o potencial produtivo da cultura, como é o caso da massa de grãos por planta e o número de capítulos.

Na avaliação da divergência genética para caracteres quantitativos entre 150 genótipos de cártamo realizado por Pavithra et al. (2015) os materiais foram agrupados pelo método de Tocher em 24 grupos distintos. O primeiro Grupo foi composto por 99 genótipos, representando 66% do total, seguido pelo Grupo III com 17 genótipos (11,33%), Grupo VIII com 12 genótipos (8%), Grupo XVI com dois genótipos e o restante de agrupamentos continham um único genótipo. De acordo com os resultados, para selecionar genótipos para a hibridação deve ser considerado como características importantes o rendimento, índice de colheita, altura da planta, peso do volume, número de sementes por capítulo e capítulo por planta.

A partir do método de Otimização de Tocher foi estimada a distância intra e intergrupos (Tabela 4). Para atender o critério estabelecido para o método de Otimização de Tocher, a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, ou seja, as distâncias médias das mediadas de dissimilaridades dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre grupos (Cruz et al. (2012).

Os resultados indicam que a maior distância intragrupo foi observada no Grupo V (0,23), grupo que aloca genótipos geneticamente mais distantes quando comparado aos demais agrupamentos, enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no Grupo III (0,18), grupo que aloca genótipos geneticamente mais similares quando comparado aos demais agrupamentos. Para os grupos IX, X, XI, XII e XIII não foi

possível estimar as distâncias intragrupos, uma vez que cada um deles foi constituído por um único genótipo.

A maior distância intergrupos foi obtida entre os Grupos III e IX (0,51), apresentando maior divergência genética, sendo um indicativo de uma possível melhor combinação para cruzamento. A distância intergrupo de menor proporção foi observada entre os Grupos I e III (0,26) e entre I e V (0,26), indicando uma estreita relação entre eles, onde cruzamentos entre genótipos pertencentes a estes grupos podem não resultar em melhoria na direção desejada.

Considerando que as maiores distâncias intergrupos estão positivamente relacionadas à maior divergência genética, os cruzamentos entre os genótipos dos Grupos III e IX são de maior potencial para a formação de novas populações segregantes com possibilidade de maior variabilidade genética. No entanto, considerando uma diferença de resultados de PROD de mais de 100% para alguns materiais do Grupo III para o Grupo IX, essa combinação talvez não seja benéfica para as variáveis em questão.

Embora a divergência genética seja um dos critérios para a escolha dos progenitores, as combinações híbridas devem envolver tanto os pais divergentes quanto os de alto desempenho médio. Assim, a seleção dos genótipos mais divergentes nem sempre é a mais conveniente para o programa de melhoramento, dependendo das características que se deseja melhorar (Abreu et al., 1999).

Shivani et al. (2010) avaliando a divergência genética entre 75 genótipos de cártamo, observou que a maior distância média intragrupo foi observada no Grupo II (110,16), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no Grupo I (81,19). Por sua vez, a maior distância intergrupos foi observada entre os Grupos VII e VII (2044) e a menor entre os Grupos IV e VI (251,27). De acordo com os resultados, para a seleção de genitores para programa de hibridização, informações sobre agrupamentos intra e intergrupos é de primordial importância, pois cruzamentos desses materiais daria descendentes com características desejáveis, considerando variáveis como precocidade, rendimento e teor de óleo.

Pushpavalli et al. (2015) em estudo sobre avaliação da diversidade genética em 20 genótipos de cártamo, observou que a maior distância média intragrupo foi observada no Grupo III (5,74), enquanto que a menor distância intragrupo foi

verificada no Grupo II (3,94). A maior distância intergrupos foi obtida entre os Grupos V e VII (10,83) e a de menor proporção foi observada entre os Grupos IV e V (4,76). De acordo com os resultados, os genótipos localizados nesses grupos podem ser utilizados em programas de hibridação para melhorar o rendimento de sementes e o teor de óleo dos materiais.

Portanto, resultados referentes a uma maior distância intergrupos podem ser úteis na escolha de genitores para hibridação, uma vez que cruzamentos entre indivíduos mais divergentes aumentam as chances de êxito nas gerações segregantes, no entanto, nem sempre as características agronômicas mais importantes, como a produtividade, por exemplo, exercem influências na definição dessas combinações híbridas. De acordo com os resultados do campo, os genótipos do grupo III são superiores aos materiais do Grupo IX principalmente para a variável PROD, e caso utilize em cruzamentos entre si, existe a possibilidade de diminuir a produtividade dos materiais que são superiores.

**Tabela 4.** Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII	XIII
I	0,20	0,27	<b>0,26</b>	0,27	<b>0,26</b>	0,36	0,29	0,27	0,38	0,30	0,31	0,27	0,37
II	-	0,20	0,39	0,28	0,27	2,37	0,30	0,27	0,35	0,33	0,32	0,38	0,41
III	-	-	<b>0,18</b>	0,36	0,34	0,41	0,39	0,38	<b>0,51</b>	0,36	0,39	0,27	0,40
IV	-	-	-	0,21	0,31	0,42	0,41	0,32	0,44	0,35	0,40	0,39	0,49
V	-	-	-	-	<b>0,23</b>	0,29	0,31	0,31	0,38	0,28	0,28	0,30	0,28
VI	-	-	-	-	-	0,20	0,38	0,37	0,45	0,37	0,35	0,38	0,32
VII	-	-	-	-	-	-	0,20	0,29	0,31	0,32	0,30	0,27	0,31
VIII	-	-	-	-	-	-	-	0,22	0,30	0,34	0,35	0,38	0,41
IX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,25	0,44	0,41	0,42
X	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,37	0,30	0,32
XI	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,34	0,28
XII	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,30
XIII	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Utilizando o método UPGMA, o qual foi submetido a um corte significativo de 62% de distância genética, possibilitou divisão dos 124 genótipos de cártamo em 11 Grupos distintos (Figura 1). Analisando o dendrograma e de acordo com as medidas de dissimilaridade, os genótipos 38 e 118 foram os mais divergentes, sendo alocados em grupos distintos, V e I respectivamente. Já os mais similares 24 e 29 estão localizados no mesmo grupo (XI).

Através do coeficiente de correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento UPGMA, é possível observar no dendrograma um CCC de 0,70, resultado que reproduz de forma satisfatória a informação contida na matriz e a formação dos agrupamentos. De acordo Rohlf (1970) para o ajuste do coeficiente de correlação cofenética ser considerado bom, é necessário ser  $\geq 0,70$ .

Quando analisados os métodos de agrupamentos utilizados, observa-se que os métodos formaram o mesmo número de grupos, o agrupamento de genótipos feito por Tocher apresentou 13 Grupos e o método UPGMA também 13 Grupos, mudando apenas a composição destes, onde alguns genótipos se agruparam em grupos diferentes dependendo do método de agrupamento. De acordo com Buttow et al. (2010) as diferenças entre o método de Tocher e UPGMA são somente em função da forma como cada método faz o cálculo da variabilidade genética já que utilizam a mesma matriz de dados.

Os Grupos I, III, V, VI e X foram formados por apenas um genótipo cada, genótipos 118, 78, 38, 122 e 6 respectivamente, sendo os genótipos 78, 118 e 122 em grupo também isolado no método de Tocher, sugerindo que estes materiais sejam mais distantes com relação aos demais. Os Grupos II, IV e VII ficaram com dois genótipos cada, sendo a composição do grupo II semelhante ao Grupo VI de Tocher, apresentando como principais características para o agrupamento as variáveis CICLO, ALTP e NSC, os demais genótipos 100 e 119 do Grupo IV e 23 e 32 do Grupo VII foram agrupados em outros grupos em Tocher.

O Grupo VIII UPGMA não foi semelhante a nenhum Grupo de Tocher apresentando como principais características para a formação do grupo as variáveis FLORESC, CICLO e ALTP. O Grupo IX foi constituído por cinco genótipos, onde foi possível verificar semelhança com o Grupo VIII de Tocher, onde os genótipos agrupados no mesmo grupo foram o 82, 120 e 22, e com Grupo I de tocher, onde os

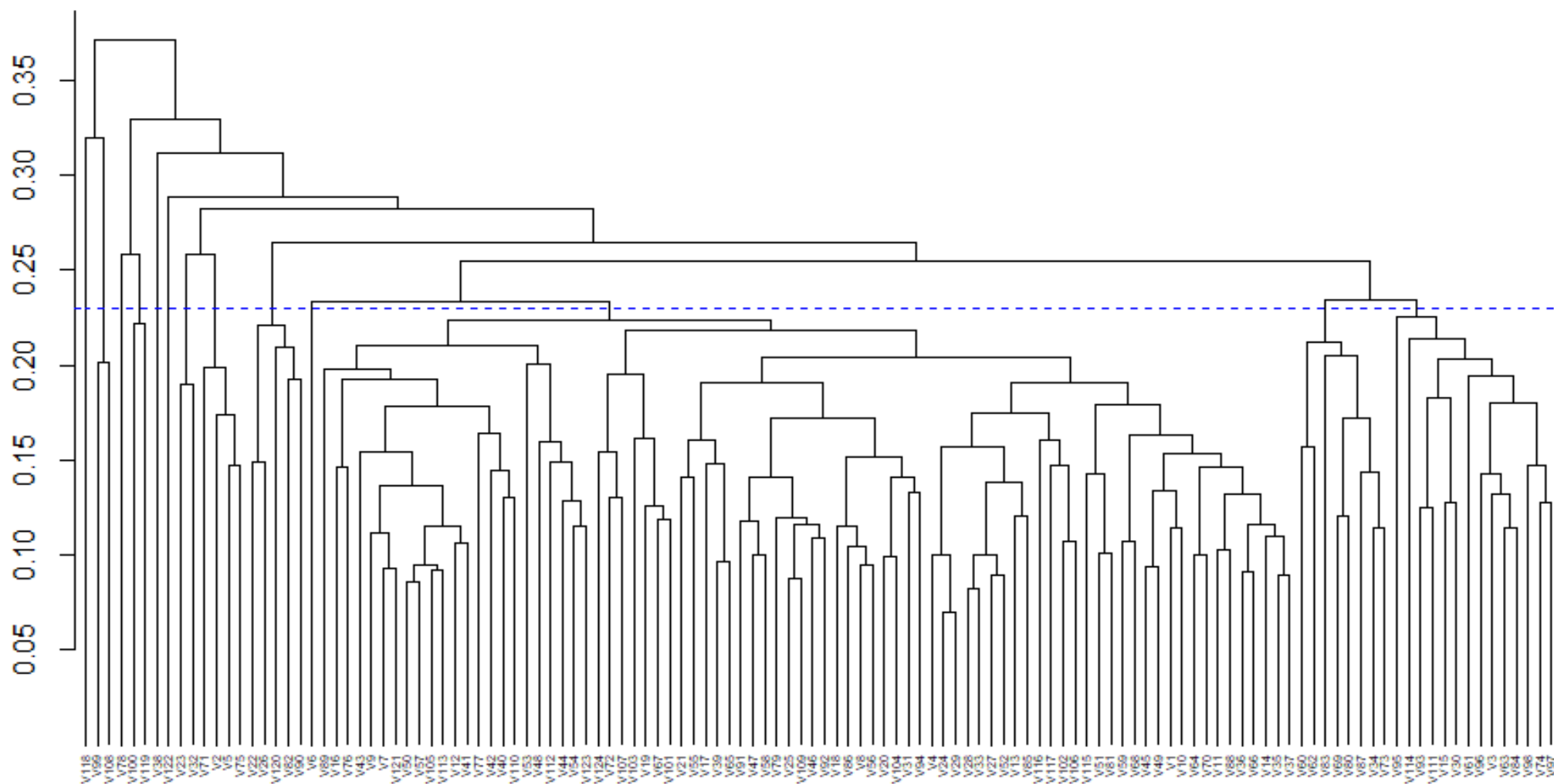
genótipos 26 e 90 ficaram agrupados no mesmo grupo, apresentando como principais características para formação do grupo as variáveis FLORESC, NSC e PROD.

A grande maioria dos genótipos inclusos no Grupo XI do UPGMA apresentou semelhança com o Grupo I de Tocher, exceto para os genótipos 16, 76 e 53 que tem semelhança com o Grupo III de Tocher e o genótipo 81 por estar alocado no Grupo IV de tocher, apresentando como principais características para o agrupamento as variáveis FLORESC, DCAP e NSC.

Através do Grupo XII do UPGMA é possível notar semelhança com o Grupo II de Tocher para os genótipos 60, 62, 69, 80, 83 e 89, e também com o Grupo I de Tocher que alocou os genótipos 34 e 73, apresentando como principais características para formação do grupo as variáveis NRP, NSC e ALTP. O Grupo XIII UPGMA alocou genótipos presentes no Grupos I, II, IV e V de Tocher, tendo como principais características para o agrupamento as variáveis NSC, DCAP e CICLO.

A utilização de técnicas multivariadas apresentou-se como instrumento auxiliador, já que baseia-se no comportamento de cada indivíduo em relação aos demais através do estudo simultâneo de várias características que são simplificadas por meio de índices que podem facilitar a retirada de conclusões. Desta forma, existe a possibilidade de possíveis cruzamentos com os resultados apresentados dos diferentes grupos formados em ambas as metodologias, para a finalidade de obtenção de ganhos genéticos.

Portanto, em função da existência de variabilidade genética entre os genótipos de cártamo e as estruturas de variação dentro do grupo de acordo com cada metodologia de agrupamento utilizada, os grupos formados nos permite inferir que os materiais que mais se destacaram para esta análise agrônômica foram os genótipos 1, 6, 15, 19, 20, 23, 30, 67, 72, 74, 76, 84, 93, 98, 99, 100, 108, 109, 111, 114, 118, 119, 120, 122 e 124.



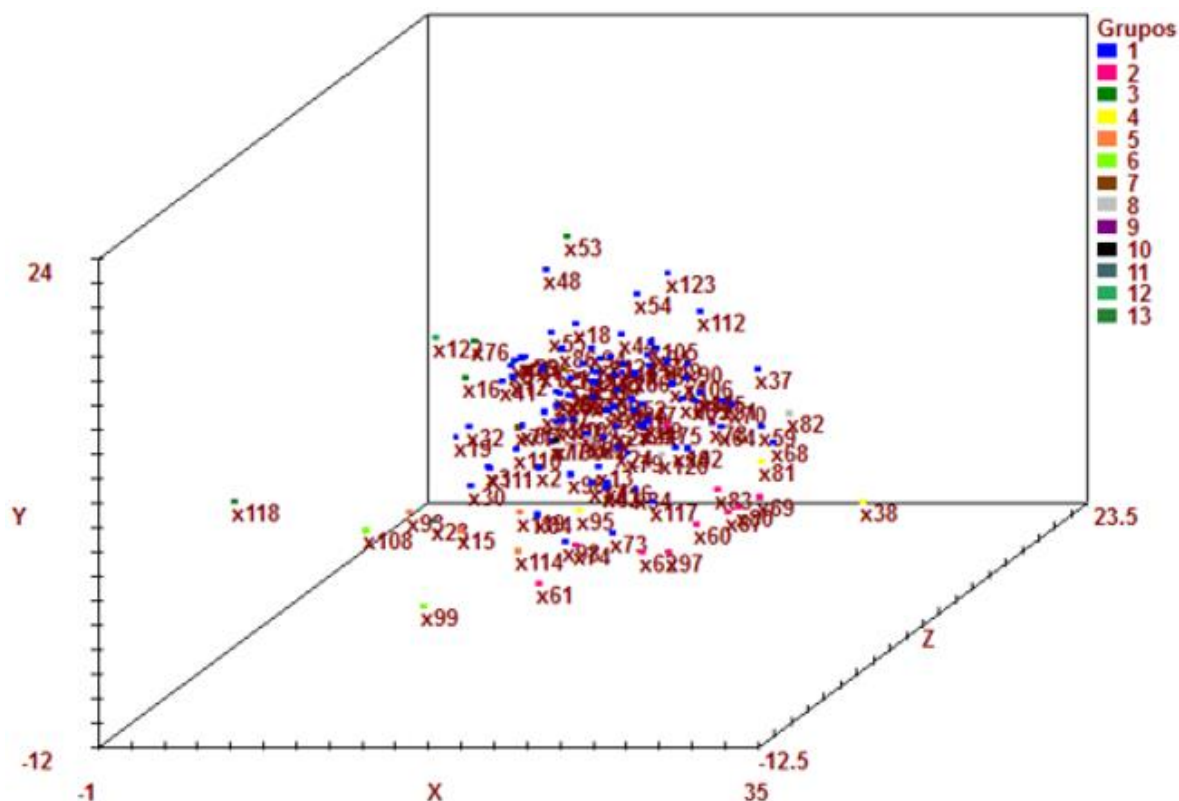
**Figura 1.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L obtido pelo método UPGMA com base em 12 características agrônômicas.



### 4.1.3 Representação gráfica tridimensional

Através da dispersão gráfica disposta no espaço tridimensional (Figura 2) é possível verificar a distribuição dos 13 Grupos, onde os genótipos similares foram ordenados em grupos semelhantes, e os mais divergentes em grupos diferentes indicando divergência genética entre os 124 genótipos de cártamo. A projeção 3D obteve uma correlação de 0,84 garantindo a viabilidade do uso desta técnica, pois representa a matriz de dissimilaridade utilizada, fornecendo assim uma imagem gráfica menos distorcida da realidade dos agrupamentos.

Analisando a formação dos grupos, observa-se concordância com os agrupamentos anteriores, os grupos formados por meio da dispersão gráfica dos escores foram semelhantes aos grupos formados nas análises de agrupamento, utilizando o método hierárquico (UPGMA) (Figura 1) e a distribuição dos grupos com padrões de comportamento similares pelo Método de Tocher (Tabela 3), quanto ao número de grupos estabelecidos.



**Figura 2.** Representação da dispersão tridimensional com base na Distância Euclidiana Média entre os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

#### 4.1.4 Contribuição relativa dos caracteres

A análise de contribuição relativa de cada um dos 12 caracteres entre os 124 genótipos de cártamo (Tabela 5) possibilitou a avaliação da divergência genética entre os genótipos analisados, identificando os caracteres de maior importância.

**Tabela 5.** Contribuição relativa de 12 características agrônômicas avaliadas para a divergência genética entre os 124 genótipos de Cártamo *Carthamus tinctorius* L

Características Avaliadas <sup>1</sup>	S .j	Contribuição (%)
FLORESC	1008174,00	5,26
CICLO	1576206,00	8,23
NRP	416466,00	2,17
ALTP	2667912,50	<b>13,93</b>
NCP	4680506,00	<b>24,44</b>
NSC	1619664,00	8,45
DCAP	111543,93	0,58
DCAU	57966,90	0,30
P100	14880,65	0,07
TSC	147,66	0,0008
TSL	54,25	0,0003
PROD	6992190,47	<b>36,52</b>

Nota<sup>1</sup>:FLORESC= Dias para florescimento; CICLO= Ciclo Planta; NRP= Número de Ramificações/planta; ALTP= Altura da Planta; NCP= Número de Capítulos/planta; NSC= Número de sementes/capitulo; DCAP = Diâmetro do capitulo; DCAU= Diâmetro do caule; P100= Peso de 100 sementes; TSC= Tamanho sementes comprimento; (TSL)Tamanho sementes largura; PROD= Produtividade.

De acordo com Correa e Gonçalves (2012) identificar os caracteres que mais contribuem é importante para auxiliar no descarte daqueles que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos, reduzindo-se mão de obra, tempo e custos referentes a avaliação experimental.

Pelo método de Singh (1981), identificou-se que três características contribuíram com 74,90% da divergência genética. A variável que mais contribuiu com a divergência foi a produtividade com 36,52%, seguido pelo número de capítulos por plantas com 24,44% e pela altura das plantas com 13,93%.

Resultados semelhantes foram observados por Shivani et al. (2010) que também utilizou do método de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética em genótipos de cártamo, constatando que a variável produtividade foi a que mais contribuiu para divergência, seguida pelo número de capítulos por planta e número de sementes por capítulo.

Atole et al. (2018) para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética em genótipos de cártamo constatou que a contribuição máxima foi obtida pela variável produção, seguida por altura de planta e número de capítulos por planta, enquanto peso de semente e diâmetro de capítulos não apresentaram contribuição para a divergência genética.

As variáveis que menos contribuíram foram tamanho das sementes largura (0,0003%), tamanho das sementes comprimento (0,0008%) e peso de cem sementes (0,0777%). Conforme Rêgo et al. (2003), variáveis com menos contribuição podem ser descartadas em futuros estudos de divergência, pois caracteres que contribuem com um percentual muito baixo podem ser desconsiderados.

Desta forma, possibilita uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos, diminuindo mão de obra, tempo e custos (Cruz e Regazzi, 2001).

Portanto, de acordo com os resultados referentes à contribuição relativa dos caracteres infere-se que, para selecionar genótipos geneticamente diversos para a hibridação deve ser considerado como características importantes a produtividade, número de capítulos por plantas e altura da planta.

## **4.2 Análise Multivariada para caracteres Morfológicos**

Os descritores AR, BC, Cfolha, FC, PF, CS e FS não apresentaram variação, mas foram utilizados nas análises.

### **4.2.1 Medidas De Dissimilaridade**

Através das medidas de dissimilaridade genética estimada via variáveis multicategóricas em relação a 16 características morfológicas, pode-se verificar que

as magnitudes de dissimilaridade obtidas através da matriz de dissimilaridade variaram de 0,0 a 0,56, indicando a presença de diversidade genética entre os genótipos avaliados.

Com relação aos materiais analisados, notou-se que quatro combinações foram mais dissimilares, apresentando magnitude de dissimilaridade de 0,56, significando que cruzamentos entre genótipos que apresentem esta distância genética entre si, são capazes de gerar indivíduos com maior variabilidade genética. Já a menor magnitude (0,0), foi encontrada para 31 combinações mais similares representando uma estreita base genética entre os materiais, indicando proximidade entre esses genótipos para as características estudadas.

Os valores mais elevados de dissimilaridade (0,56) foram encontrados para as combinações entre os genótipos 49 e 55, 49 e 71, 66 e 89 e 81 e 109. De acordo com dados do campo a combinação entre os genótipos 49-55 e 81-109 divergiram para as variáveis HC, CF, MF, FF, ESP, IES, TOMB e MT, já a combinação entre os genótipos 49-71 e 66-89 divergiram para as variáveis HC, CF, MF, FF, ESP, IES, PP, TOMB e MT. Já as menores dissimilaridades(0,0) foram observadas entre as combinações 4 e 7, 9 e 11, 27 e 29, 9 e 34, 11 e 34, 22 e 48, 42 e 50, 41 e 51, 61 e 62, 18 e 69, 21 e 78, 29 e 84, 27 e 84, 13 e 86, 80 e 90, 22 e 91, 48 e 91, 13 e 94, 86 e 94, 69 e 104, 18 e 104, 27 e 107, 29 e 107, 84 e 107, 20 e 108, 100 e 114, 102 e 116, 1 e 118, 92 e 123, 48 e 123 e 22 e 123, combinações que apresentaram todas as características em comum.

#### **4.2.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher Modificado e Hierárquico do UPGMA**

A análise de agrupamento realizada pelo método de Tocher Modificado (Tabela 6) alocou os 124 genótipos de cartámo em nove Grupos distintos.

Analisando os resultados apresentados pelo agrupamento de Tocher Modificado e os apresentados pelas medidas de dissimilaridade, os indivíduos mais dissimilares estão alocados em grupos distintos, o genótipo 49 está alocado no Grupo IX e os genótipos 55 e 71 localizados no Grupo III, enquanto que os genótipos 66 e 81 foram pertencentes ao Grupo I e VII respectivamente e os genótipos 89 e 109,

situados nos Grupos VII e VIII respectivamente. Já as combinações mais similares estão localizadas no mesmo Grupo.

Os Grupos I, II, III e IV correspondem a 105 genótipos, sendo 75% destes vindos da Ásia, o Grupo I conteve 24 genótipos com 52% destes com origem asiática, sendo as variáveis CF (amarela) e IES (alta) que mais contribuíram para formação deste agrupamento, o Grupo II apresentou 22 genótipos com maioria oriunda da Ásia (76%), sendo as variáveis CF (laranja) e IES (média) os que mais contribuíram para este agrupamento.

**Tabela 6.** Representação agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher Modificado com base na dissimilaridade entre os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L

Grupos	Genótipos	%
I	1, 118, 60, 65, 66, 99, 102, 116, 36, 72, 79, 117, 111, 17, 67, 56, 98, 25, 93, 113, 18, 69, 104, 95	19,4
II	4, 7, 105, 41, 51, 45, 20, 108, 13, 86, 94, 26, 58, 23, 87, 77, 43, 68, 88, 9, 11, 34	17,7
III	21, 78, 5, 40, 8, 47, 96, 22, 48, 91, 123, 100, 114, 92, 2, 31, 71, 44, 46, 55	16,1
IV	27, 29, 84, 107, 73, 24, 28, 80, 90, 63, 6, 103, 3, 120, 119, 75, 74, 122, 39, 106, 121, 19, 35, 110, 61, 62, 97, 112, 37, 30, 101, 54, 85, 42, 50, 15, 115, 64, 70	31,5
V	12, 14, 16, 59, 38, 10, 52	5,6
VI	53, 57, 82, 124	3,2
VII	32, 33, 81, 89	3,2
VIII	83, 109	1,65
IX	49, 76	1,65
<b>Total</b>	<b>124</b>	<b>100,0</b>

O Grupo III alocou 20 genótipos apresentando 70% com origem asiática, sendo as variáveis MF (muito dentada) e FF (linear) as que mais contribuíram para

este agrupamento, o Grupo IV agrupou 39 genótipos, sendo 64% oriundo da Ásia, sendo as variáveis HC (horizontal) e MF (serrada) as que mais contribuíram para este agrupamento.

O Grupo V ficou com sete genótipos, sendo 100% oriundos da Ásia, sendo as variáveis MF (serrada) e FF (linear) as que mais contribuíram para este agrupamento. Os Grupos VI e VII ficaram com quatro genótipos cada, todos os de origem asiáticas, as variáveis MF (muito dentada) e IES (alta) foram as que mais contribuíram para o agrupamento no grupo VI, para o grupo VII, as variáveis que mais contribuíram foram HC (semiereto) e CF (laranja).

Os Grupos VIII e IX foram formados com dois genótipos cada (1,65%), sendo que o Grupo VIII agrupou materiais de origens diferentes (China e EUA), onde as variáveis IES (media) e MT (desuniforme) foram as que mais contribuíram para a formação do grupo. O Grupo IX alocou genótipos de Bangladesh e EUA sendo as variáveis FF (lanceolada) e MT (uniforme) as de maior importância para formação do grupo.

Em trabalho realizado recentemente por Silva et al. (2015) utilizando método agrupamento Tocher original com a cultura do cártamo foi encontrado semelhança nos resultados, a diversidade genética avaliada foi entre 20 genótipos através de características morfológicas, onde foi observada a formação de nove grupos distintos, indicando a presença de diversidade genética.

Por meio do Método de agrupamento UPGMA (Figura 3), podemos visualizar a divergência genética entre os 124 genótipos estudados, onde foi possível identificar a formação de 18 Grupos, considerando-se o corte a 60% de distância relativa.

Analisando o dendrograma e de acordo com as medidas de dissimilaridade, as combinações mais divergentes 81 e 119, 49 e 71 foram alocados em grupos distintos. Combinação 89 e 119 alocadas nos Grupos XI e IV respectivamente, enquanto que a combinação 49 e 71 ficaram situadas no grupo XI e VIII respectivamente. Já as demais combinações mais dissimilares, 49 e 55 e 66 e 81 estão localizadas no mesmo grupo (XI).

A magnitude do coeficiente de correlação cofenética do dendrograma foi baixa (0,50), entretanto isso não impossibilitou a utilização do dendrograma para a avaliação dos agrupamentos (Mohammadi e Prasanna, 2003). Desta forma, o dendrograma

reproduz de forma satisfatória a informação contida na matriz e a formação dos agrupamentos

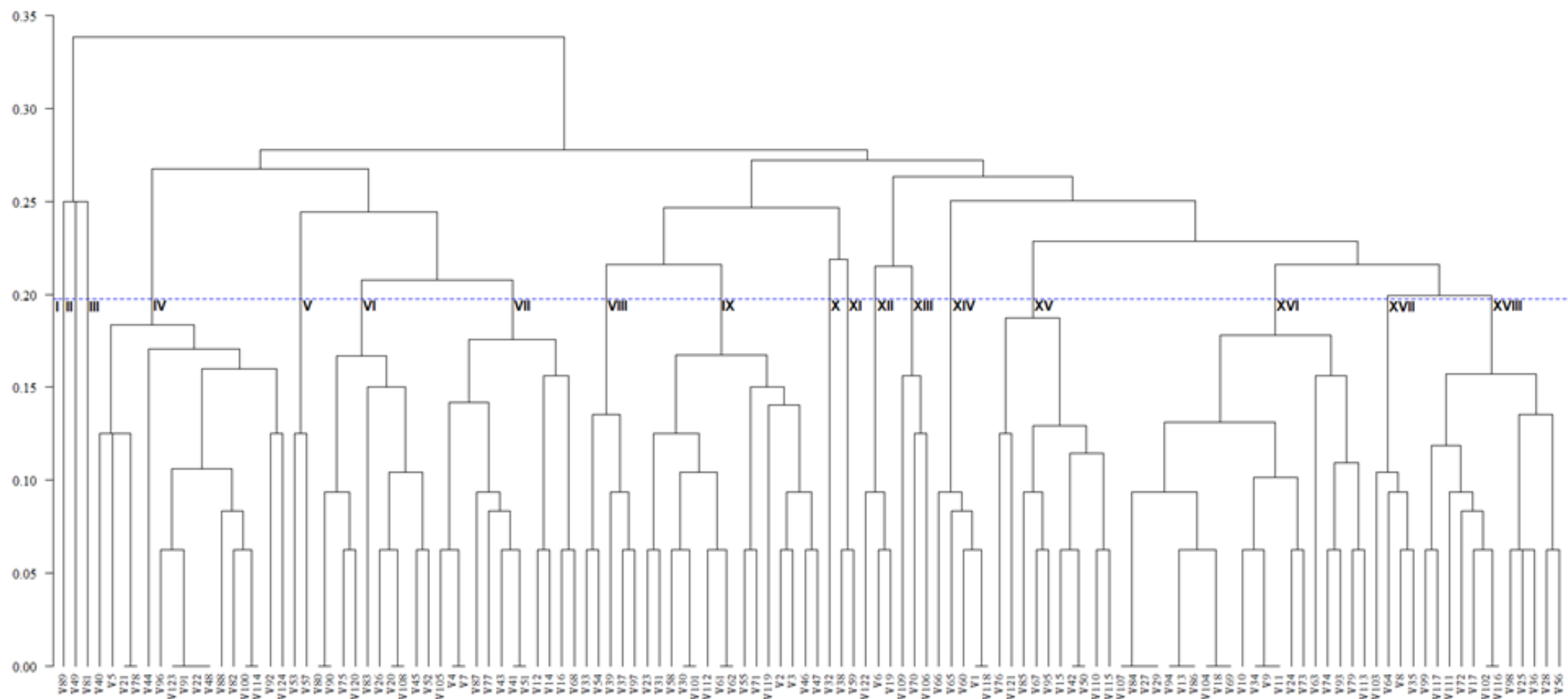
Quando comparamos os métodos de agrupamento utilizados, observa-se que ambos apresentaram diferenças nos agrupamentos formados, o agrupamento de genótipos feito por Tocher Modificado apresentou nove Grupos e o método UPGMA 18 Grupos, mudando completamente a composição destes.

No entanto ambas metodologias de agrupamento revelaram diversidade genética para variáveis morfológicas entre genótipos de cartámo, onde os descritores se mostram como uma importante ferramenta para avaliar a diversidade do germoplasma, sendo capaz de separar genótipos de acordo com suas características morfológicas.

O genótipos 32, 49, 81 e 89, diferentemente do agrupamento realizado com o método Tocher modificado, ficou separado em agrupamentos individuais no agrupamento de UPGMA (Grupos IX, II, III e I respectivamente) sugerindo que esses genótipos alocados sozinhos em um grupo sejam considerados mais divergentes em relação aos demais, sendo as características ESP (ausência) e IES (ausente) as que mais contribuíram para divergência dos genótipos 49, 81 e 89.

Em trabalho realizado recentemente por Shinwari et al.(2014) utilizando método agrupamento UPGMA com a cultura do cártamo tem-se encontrado resultados semelhantes, a diversidade genética avaliada entre 122 genótipos, onde foi observada a formação de cinco grupos distintos, podendo confirmar a variabilidade genética com base em características morfológicas.

Portanto, em função da existência de variabilidade genética entre os genótipos de cártamo e as estruturas de variação dentro do grupo de acordo com cada metodologia de agrupamento utilizada, os grupos formados nos permite inferir que os materiais que mais se destacaram para esta análise morfológica foram os genótipos 4, 7, 10, 11, 12, 14, 16, 21, 24, 38, 40, 41, 49, 51, 57, 59, 68, 73, 77, 79, 81, 82, 87, 88 e 89.



**Figura 3.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L obtido pelo método UPGMA com base em 16 características morfológicas.



### **4.3 Análise Conjunta**

A fim de se obter uma análise mais completa de informação gerada, os dados morfológicos e agronômicos foram submetidos a uma análise simultânea baseado na matriz de distância calculada utilizando o algoritmo de Gower (1971). Para os 124 genótipos foram utilizados 21 descritores, sendo nove qualitativos e 12 quantitativos.

#### **4.3.1 Medidas De Dissimilaridade**

Identificou-se que os valores da magnitude de dissimilaridade variaram entre 0,05 e 0,46, indicando a presença de diversidade genética entre os genótipos avaliados. Os genótipos mais distantes foram 49 e 71, com magnitude 0,46, significando que esse seria o cruzamento mais promissor buscando a heterose máxima.

De acordo com análise dos dados do campo, os genótipos 49 e 71 divergiram para todas as características morfológicas utilizadas no estudo e apresentaram as variáveis agronômicas NCP, NSC e PROD as que mais contribuíram para esta distância.

Enquanto os genótipos 11 e 34 foram os mais similares entre os demais, com magnitude de 0,05, apresentando todas as características morfológicas em comum e as agronômicas com características próximas para todas as variáveis em estudo.

#### **4.3.2 Análise de agrupamentos pelos Métodos de Tocher e Hierárquico do UPGMA**

O método de agrupamento de Tocher Modificado baseado no índice de dissimilaridade de Gower (1971) proporcionou a formação de nove Grupos distintos (Tabela 7).

**Tabela 7.** Representação agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher Modificado com base nas estimativas de Gower entre os 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L

Grupos	Genótipos	%
I	11, 34, 9, 88, 73, 24, 10, 14, 51, 68, 87, 41, 77, 59, 7, 105, 50, 12, 16, 40, 42, 43	17,74
II	86, 94, 104, 20, 18, 13, 58, 47, 91, 31, 27, 8, 17, 96, 92, 46, 84, 33, 26, 29, 107, 2, 123, 48, 54, 44, 69, 28, 22, 45, 5, 70, 23, 90, 79, 102, 35, 3	30,64
III	1, 65, 121, 66, 60, 6, 36, 115, 19, 106, 122, 56, 25, 110, 98, 37, 113, 67, 116, 64, 72, 111, 117, 39, 103, 30, 85, 101, 63, 95, 93, 112, 74, 97, 61, 62, 109, 55, 15, 119, 75	33,87
IV	80, 83, 52, 120, 4, 53, 57	4,03
V	100, 124, 82, 114, 21, 78, 99	4,03
VI	38, 81, 49	2,41
VII	71, 118	1,61
VIII	32, 108, 89	2,41
IX	76	0,80
<b>Total</b>	<b>124</b>	<b>100,0</b>

Analisando os resultados apresentados pelo agrupamento de Tocher Modificado e os apresentados pelas medidas de dissimilaridade, os indivíduos mais dissimilares estão alocados em grupos distintos, o genótipo 49 está alocado no grupo VI e o genótipo 71 localizado no Grupo VII, enquanto que as combinações mais similares 11 e 34 estão localizadas no mesmo grupo (I).

O agrupamento proposto considerando todo o conjunto de dados não demonstrou agrupamentos baseados nas origens dos materiais, pois materiais de origem distintas foram agrupados no mesmo grupo e materiais de mesma origem foram agrupados em grupos diferentes, resultado concordante com o que foi possível

observar nos resultados agronômicos e morfológicos quando analisados individualmente. Os Grupos VI e VII podem ser considerados uma exceção neste, uma vez que os genótipos que compõe cada grupo são da mesma origem, Ásia e América respectivamente.

Os grupos constituídos pelo algoritmo de Gower foram parcialmente semelhantes aos obtidos pelas variáveis quantitativas e pelos descritores qualitativos isoladamente para o método de agrupamento Tocher Original e Modificado, concordando para agrupamento em um mesmo grupo dos genótipos 38-81 e 80-120, apresentando a composição dos demais, porém um pouco diferente.

O agrupamento UPGMA com base no algoritmo de Gower foi submetido a um corte significativo de 65% de distância genética possibilitou a divisão dos 124 genótipos de cártamo em 14 grupos distintos (Figura 4). Observando o dendrograma e de acordo com as medidas de dissimilaridade, os genótipos 49 e 71 os mais divergentes, foram alocados em grupos distintos, II e IX respectivamente. Já os mais similares 11 e 34 estão localizados no mesmo grupo (VI).

Através do coeficiente de correlação cofenética (CCC), observa-se para o dendrograma (figura 4) um CCC de 0,70, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo UPGMA, reproduzindo satisfatoriamente a informação contida na matriz, e conseqüentemente na formação do agrupamento.

Observa-se que ambas metodologias de agrupamento apresentaram diferenças nos agrupamentos formados, o agrupamento de genótipos feito por Tocher Modificado apresentou nove Grupos e o método UPGMA 14 Grupos, mudando um pouco a composição destes.

Os genótipos 89, 71, 108 e 32 diferentemente do agrupamento realizado com o método Tocher Modificado, ficou separado em agrupamentos individuais no agrupamento de UPGMA (Grupos I, IX, XI e XII respectivamente), já no método Tocher Modificado o genótipo que foi separado em agrupamento individual foi o 76, sugerindo que esses genótipos alocados sozinhos em um grupo sejam considerados mais divergentes em relação aos demais.

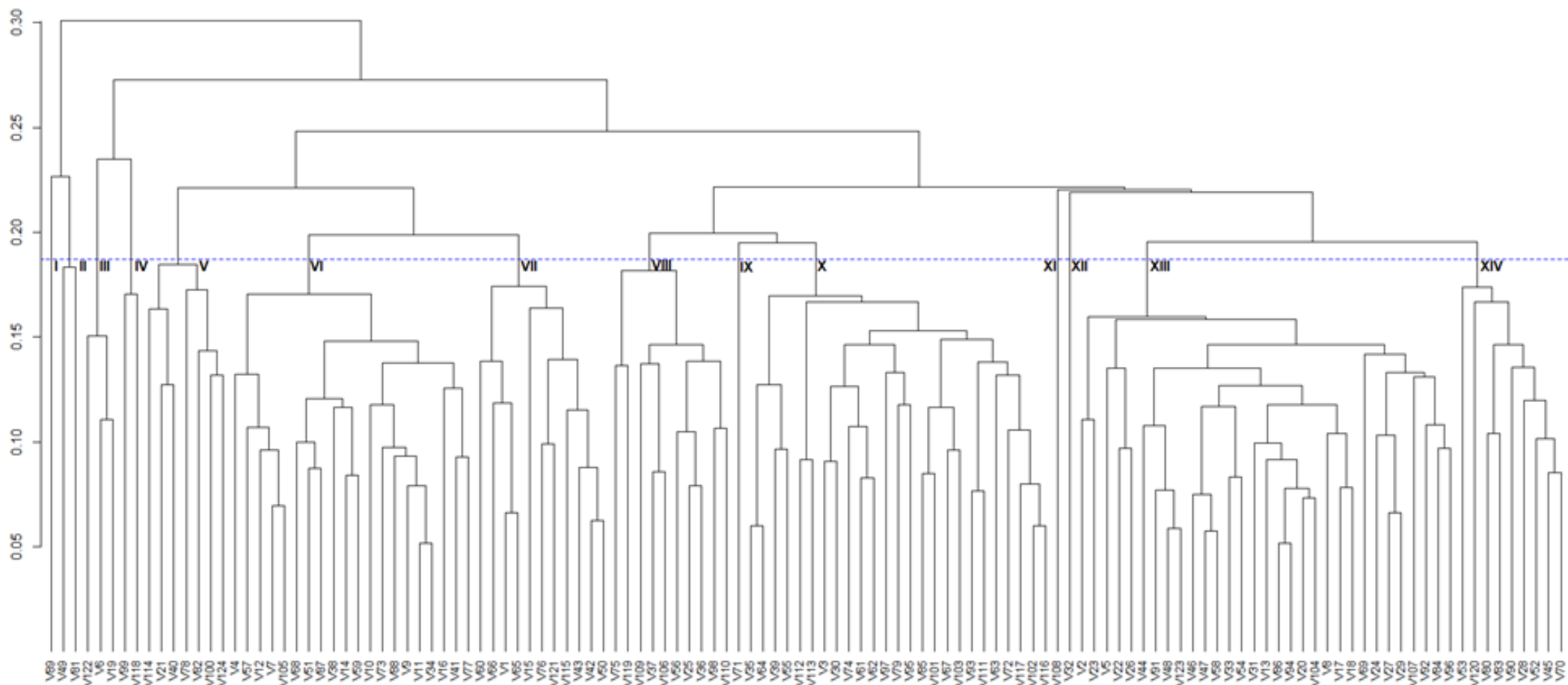
Vale destacar que para análise em conjunto os genótipos 32, 108 e 89 que ficaram isolados em UPGMA foram alocados em um mesmo grupo (VIII) no método

de Tocher Modificado. Os genótipos 49 e 81 pertencentes ao Grupo II no método UPGMA também ficaram alocados no mesmo grupo (VI) na metodologia de Tocher Modificado. Portanto verifica-se que através da análise conjunta dos dados utilizando a distância do algoritmo de Gower foi possível obter uma estimativa da variabilidade genética com emprego de todas as variáveis avaliadas.

Pelos resultados, infere-se que a utilização da análise em conjunto de dados foi uma técnica útil para detectar divergência genética e agrupar genótipos por meio do uso simultâneo de descritores agrônômicos e morfológicos. Por verificar que esta análise permite uma boa estimativa da variabilidade, esse método tem sido utilizado por vários autores em diferentes culturas como: girassol (Rigonet al., 2013), pinhão-manso (Queiroz, 2015), amendoim (Ramos et al., 2016) e outras.

Através da análise conjunta de dados qualitativos e quantitativos para estudo da diversidade genética nos trabalhos realizados por Santos (2010) e Queiroz (2015), ambos constataram que os genótipos mais divergentes podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético.

Portanto, em função da existência de variabilidade genética entre os genótipos de cártamo e as estruturas de variação dentro grupo de acordo com cada metodologia de agrupamento utilizada, os grupos formados nos permite inferir que os materiais que mais se destacaram para esta análise simultânea foram os genótipos 1, 12, 15, 16, 19, 21, 23, 30, 34, 49, 72, 73, 76, 84, 89, 93, 98, 99, 100, 107, 108, 110, 114, 119, 124



**Figura 4.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 124 genótipos de *Carthamus tinctorius* L obtido pelo método UPGMA, a partir do índice de dissimilaridade de Gower.

## 5. CONCLUSÕES

1. Existe variabilidade genética entre os genótipos de cártamo para as características agronômicas e morfológicas avaliadas, e os agrupamentos estabelecidos sugerem possíveis genótipos para utilização nos programas de melhoramento genético.

2. As variáveis agronômicas PROD, NCP e ALTP obtiveram a maior contribuição para a divergência genética entre os 124 genótipos de cártamo.

3. Sugere-se para uma nova etapa de avaliações a utilização dos genótipos 1, 6, 15, 16, 19,21, 23, 30, 34, 42, 49, 73, 76, 77, 84, 89, 93, 98, 99, 100, 111, 114, 119, 121 e 124, que se destacam no âmbito das análises.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Selection potential for seed yield from intra- and inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, v. 108, n. 2, p. 121-127, 1999.

ABUD, H. F.; GONÇALVES, N. R.; REIS, R. G. E.; GALLAO, M. I.; INNECCO, R. Morfologia de sementes e plântulas de cártamo. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 41, n. 2, p. 259-265, 2010.

ATOLE, N. A.; RATHI, S. R.; RATNAPARKHI, R. D.; JANJAL, S. M. Genetic diversity analysis in selected germplasm lines of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 9, n. 1, p. 213-219, 2018.

ALMEIDA, D. S. **Caracterização de óleos vegetais através da radiação espalhada e análise multivariada**. Rio de Janeiro: Universidade Federal do Rio de Janeiro, 2015. 106p. (Dissertação – Mestrado em Engenharia Nuclear).

AL-SNAFI, A. E. Chemical constituents and pharmacological Importance of *carthamus tinctorius* – a review. **Research Journal of Pharmacology and Toxicology**, v. 5, n. 3, p. 143-166, 2015.

ARANTES, M. A. **Cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) produção de biomassa, grãos, óleo e avaliação nutritiva da silagem**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia-APTA/SAA, 2011. 64p. (Dissertação – Mestrado em Zootecnia).

ARANTES, E. M.; CREMON, C.; LUIZ, M. A. C. Alterações dos atributos químicos do solo cultivado no sistema orgânico com plantio direto sob diferentes coberturas vegetais. **Revista Agrarian**, v. 5, n. 15, p. 47-54, 2012.

ARGENTA, G. **Monitoramento do nível de nitrogênio na planta como indicador da adubação nitrogenada em milho**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2001. 112p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).

ARMAH-AGYEMAN, G., LOILAND, J., KAROW, R. HANG, A.N. Safflower: Dryland Cropping Systems. **Journal of Maharashtra Agricultural Universities**, v. 21, n. 3, p. 380-382, 2002.

ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A.R. Técnicas

multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim, usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.801-809, 2006.

ASHRAFI E.; RAZMJOO K. Effect of irrigation regimes on oil content and composition of Safflower (*Carthamustinctorius* L.) cultivars. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 87, n. 5, p. 499-506, 2010.

ASHRI A. Evaluation of the germplasm collection of safflower (*Carthamustinctorius*L.) V. Distribution and regional divergence for morphological characters. **Euphytica**, v. 24, n. 3, p. 651-659, 1975.

ASHRI, A.; KNOWLES, P. F. Cytogenetics of safflower (*Carthamustinctorius* L.) species and their hybrids. **Agronomy Journal**, v. 52, n. 1, p. 11-17, 1960.

BABAUGLU, M.; GUZEL, M. Safflower (*Carthamustinctorius* L.) breeding activities at Trakya Agricultural Research Institute. **EkinJournal of Crop Breeding and Genetics**, v. 1, n. 1, p. 20-25, 2015.

BASSEGIO, D. **Potencial produtivo de acessos de espécies brássicas sob condições tropicais**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2017. 58p. (Tese - Doutorado em Agronomia).

BAYDAR, H.; GOKMEN, O. Y.; FRIEDT, W. Hybrid seed production in safflower (*Carthamustinctorius* L.) following the induction of male sterility by gibberellic acid. **Plantbreeding**, v. 122, n. 5, p. 459-461, 2003.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*L.) do grupo preto. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 8, n. 3, 2002.

BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 409-416, 2011.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. O.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, R. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.



BONFIM-SILVA, E. M.; PALUDO, J. T. S.; SOUSA, J. V. R.; SOUZA, H. H. F.; SILVA, T.J.A. Development of Safflower Subjected to Nitrogen Rates in Cerrado Soil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 2136-2143, 2015.

BORGES, P. C. A.; SILVA, S. M.; ALVES, T. C.; TORRES, A. E. Energias renováveis: uma contextualização da biomassa como fonte de energia. **Revista Eletrônica do PRODEMA**, v. 10, n. 2, p. 23-36, 2016.

BORTOLHEIRO, F. P. A. .P.; SILVA, M. A. Physiological response and productivity of safflower lines under water deficit and rehydration. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.89,n. 4, p. 0-0, 2017.

BORTOLHEIRO, F.P.A.P. **Caracterização de linhagens de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) em condições de deficiência hídrica e reidratação**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2015. 80p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

BRÁS, P.; POSSENTI, R. A.; BUENO, M. S.; CANOVA, E. B.; SCHAMMAS, E. A. Avaliação nutricional de coprodutos da extração de óleos vegetais em dieta de ovinos. **Boletim de Indústria Animal**, v. 71, n. 2, p. 160-175, 2014.

BRITO, A. A. **Programa nacional de produção e uso de biodiesel e as exportações do complexo agroindustrial da soja**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 2018. 43p. (Dissertação - Mestrado em Agronegócio).

BURATTO, J. S.; SANTOS NETO, J. J.; CIRINO, V. Desempenho agrônomico e dissimilaridade genética entre acessos de amendoim por variáveis multicategóricas. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 15, n. 3, p. 324-331.2016.

BURKART, A. Flora ilustrada de Entre Rios, Argentina: parte VI, dicotiledôneas metaclamídeas. **Colección científica del INTA**, v. 6, p. 554, 1979.

BUTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. D. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, v. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010.

CARGNELUTTI, A.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L.; JOST, E.; POERSCH, N.L. Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v.38, p.635-642, 2008.

CARVALHO, L. P. de; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. dos. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. Introdução à análise de agrupamentos. In: Simpósio brasileiro de probabilidade e estatística, São Paulo, **Resumos...** São Paulo, 1990. 105p.

CORONADO, L. M. **El cultivo del cártamo (*Carthamus Tinctorius*L.) en México.** Disponível em: <http://biblioteca.inifap.gob.mx:8080/jspui/bitstream/handle/123456789/1678/EI...?sequence=1>CuidadeObregon-México. 2010. Acesso em: 14 de Fevereiro 2017.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Ceres**, v. 59, n. 2, 2015.

CROSS, R. J.; FAUTRIER, A. G.; MCNEIL, D. L. IBPGR morphological descriptors- their relevance in determining patterns within a diverse spring barley germplasm collection. **Theoretical and applied genetics**, v. 85, n. 4, p. 489-495, 1992.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Piracicaba: Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, 1990. 188p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 394 p. 2005.

CRUZ, C. D. **Programa Genes – Versão Windows.** Viçosa: UFV, 648p. 2010.

CRUZ, C. D. **Programa genes: estatística experimental e matrizes.** 1. ed. Viçosa: UFV, v. 1. 2006.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, v. 2, 585 p. 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento.** 2. ed. Viçosa: UFV, 390 p. 2001.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. Viçosa: UFV, 390 p. 1997.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa: UFV, v.1, 514p. 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed. Viçosa: UFV, v. 1. 480p. 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.2. 585p. 2003.

CRUZ, C. D. (2013). Genes - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

DAJUE, L; MUNDEL, H. H. **Safflower (*Carthamustinctorius L.*). promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops**. Rome: IPGRI-International Plant Genetic Resource Institute. 81p. 1996.

DALLACORT, R.; NEVES, S.M.A.S.; NUNES, M.C.M. Variabilidade da Temperatura e das Chuvas de Cáceres/Pantanal Mato-Grossense – Brasil. **Geografia (Londrina)** v. 23, n. 1. p. 21 – 33, 2014.

DANIELI, P. P.; PRIMI, R.; RONCHI, B.; RUGGERI, R.; ROSSINI, F.; DEL PUGLIA, S.; CERETI, C. F. The potential role of spineless safflower (*Carthamustinctorius L.*) as fodder crop in central Italy. **Italian Journal of Agronomy**, v. 6, n. 1, p. 4, 2011.

DANTAS, S.; VANÚCIA, C.; SILVA, I. B.; PEREIRA, G.; MAIA, J. M.; LIMA, S.; MACEDO, C. E. C. Influência da sanidade e déficit hídrico na germinação de sementes de *Carthamustinctorius L.* **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 3, p. 574-582, 2011.

DWIVEDI, S. L.; UPADHYAYA, H. D.; HEGDE, D. M. Development of core collection using geographic information and morphological descriptors in safflower (*Carthamustinctorius L.*) germplasm. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, n. 7, p. 821-830, 2005.

EKIN, Z. Resurgence of Safflower (*Carthamustinctorius L.*) utilization: A global view. **Journal Agronomic**, v.4,n.2 p.83-87, 2005.

EL-LATTIEF, E. A. Evaluation of 25 safflower genotypes for seed and oil yields under arid environment in Upper Egypt. **Asian Journal of Crop Science**, v. 4, n. 2, p. 72-79, 2012.

EMONGOR, V. Safflower (*Carthamustinctorius L.*) the underutilized and neglected crop: A review. **Asian Journal of Plant Science**, v. 9, p. 299-306, 2010.

FLEMMER, A. C.; FRANCHINI, M. C.; LINDSTROM, L. I. Description of safflower (*Carthamustinctorius L.*) phenological growth stages according to the extended BBCH scale. **Annals of Applied Biology**, v. 166, n. 2, p. 331-339, 2014.

GALANT, N. B.; SANTOS, R. F.; SILVA, M. A. Melhoramento de cártamo (*Carthamustinctorius* L.). **Revista Acta Iguazu**, Cascavel, v. 4, n. 1, p. 14-25, 2015.

GAUR, P. C.; GUPTA, P. K.; KISHORE, H. Studies on genetic divergence in potato. **Euphytica**, v. 27, p.316-368, 1978.

GERHARDT, I. F. S. **Divergência genética entre acesso de cártamo (*Carthamustinctorius* L.)**. Botucatu: Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP, 2014. 43p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

GIBORI, A.; HILLEL, J.; CAHANER, A.; ASHRI, A. A 9x 9 diallel analysis in peanuts (*A. hypogaea* L.): Flowering time, tops' weight, pod yield per plant and pod weight. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 53, n. 4, p. 169-179, 1978.

GOLKAR P.; ARZANI A.; REZAEI A. M. Genetic analysis of agronomic traits in safflower (*Carthamustinctorius* L.). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v. 40, n. 1, p. 276-281, 2012.

GOLKAR, P.; ARZANI A.; REZAEI A. M. Genetic analysis of oil content and fatty acid composition in safflower (*Carthamustinctorius* L.). **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 88, n. 7, p. 975-982, 2011.

GOLKAR, P. Breeding improvements in safflower (*Carthamustinctorius* L.): a review. **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, n. 7, p. 1079, 2014.

GOLKAR, P. Inheritance of carthamin and carthamidin in safflower (*Carthamustinctorius* L.). **Journal of genetics**, v. 97, n. 1, p. 331-336, 2018.

GOLKAR P.; ARZANI A.; REZAEI A. M. Determining relationships among seed yield, yield components and morpho-phenological traits using multivariate analyses in safflower (*Carthamustinctorius* L.) **Annals of Biological Research**, v. 2, n. 3, p. 162-169, 2011.

GONÇALVES, D. L.; AMBROZIO, V. C.; BARELLI, M. A. A.; NEVES, L. G.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P. B.; SILVA, C. R. Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente **Biosci. J., Uberlandia**, v. 30, n. 6, p. 1671-1681, 2014.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, p. 857-871, 1971.

GRILLO, I. B.; MACIEL, V. G.; ZORTEA, R. B.; SEFERIN, M. Avaliação Estatística dos Inventários do ciclo de vida da produção de soja no Brasil. **LALCA-**

**Revista Latino Americana em Avaliação do Ciclo de Vida**, v. 1, n. Especial, p. 7, 2016.

GUIDORIZZI, F. V. C. **Acúmulo de macronutrientes e produtividade de genótipos de cártamo (*Carthamustinctorius*L.) em função da adubação nitrogenada no sistema plantio direto**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho, 2016. 69p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

HAMDAN, Y. A. S.; PÉREZ-VICH, B.; FERNÁNDEZ-MARTÍNEZ, J. M.; VELASCO, L. Inheritance of very high linoleic acid content and its relationship with nuclear male sterility in safflower. **Plant breeding**, v. 127, n. 5, p. 507-509, 2008.

HOJATI, M.; MODARRES-SANAVY, S. A. M.; KARIMI, M.; GHANATI, F. Responses of growth and antioxidant systems in *Carthamustinctorius* L. under water deficit stress. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 33, p. 105-112, 2011.

IBPGR-International Board for Plant Genetic Resources. **Safflowerdescriptors** Disponível em: [https://www.bioversityinternational.org/index.php?id=244&tx\\_news\\_pi1%5Bnews%5D=251&cHash=0a34293e359ab49c97ad47c744af5f8b](https://www.bioversityinternational.org/index.php?id=244&tx_news_pi1%5Bnews%5D=251&cHash=0a34293e359ab49c97ad47c744af5f8b) Roma1983. Acesso em: 15 de Janeiro de 2018.

Instituto Matogrossense algodão-IMA-MT. **Pesquisa e desenvolvimento de espécies oleaginosas no cerrado mato-grossense**. Disponível em: <http://www.imamt.com.br/home/projetos/> 2016. Acesso em: 5 de Janeiro de 2018.

Instituto Matogrossense algodão-IMA-MT. **Pesquisa e desenvolvimento de espécies oleaginosas no cerrado mato-grossense**. Disponível em: <http://www.imamt.com.br/home/resultados> 2007. Acesso em: 5 de Janeiro de 2018.

IVOGLO M. G.; FAZUOLI L. C.; OLIVEIRA A.C.B.; GALLO P. B.; MISTRO J. C.; SILVAROLLA M. B.; TOMA-BRAGHINI M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v. 67, n. 4, 2008.

JOHNSON, R. C.; BERGMAN, J .W.; FLYNN, C. R. Oil and meal characteristics of core and non-core safflower accessions from the USDA collection. **GeneticResourcesandCropEvolution**, v. 46, p. 611-618. 1999.

JULIANO, F.F. **Potencial antioxidante e composição química de genótipos de amendoim adaptados ao ambiente semiárido**. Piracicaba: Universidade de São Paulo, 2017. 106p. (Dissertação - Mestrado em Ciências).

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M. P.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 4, p. 1000-1005, 2005.

KHAN, A .M.; SABINE, W. E.; BRIGITTE L.; HEIKO M. C. Becker Relationships among different geographical groups, agro-morphology, fatty acid composition and RAPD marker diversity in Safflower (*Carthamustinctorius* L.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 56, n. 1, p. 19-30, 2009.

KISHA, J. T.; JOHNSON, R.C. **Safflower**. Disponível em: <https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=2312&context=usdaarsfacpub> Washington, 2012. Acesso em: 15 de Janeiro de 2017.

KNOWLES P. F. Centers of plant diversity and conservation of crop germplasm: Safflower. **Economic botany**, v. 23, n. 4, p. 324-329, 1969.

KNOWLES, P. F. Safflower. **Oil Crops of the World**, p. 363-374, 1989.

KRUGER, C. A. M. B.; SILVA, J. A. G.; MEDEIROS, S. L. P.; DALMAGO, G. A.; SILVA, A .J.; ARENHARDT, E. G.; GEWEHR, E. Relações de variáveis ambientais e subperíodos na produtividade e teor de óleo em canola. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n.9, p.1671-1677, 2014.

LEITE, L.F.C.; ARRUDA, F.P. de; COSTA, C. do N.; FERREIRA, J.S.; HOLANDA NETO, M.R. Qualidade química do solo e dinâmica de carbono sob monocultivo e consórcio de macaúba e pastagem. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.17, p.1257-1263, 2013.

LI, D.; HAN, Y. Proceedings, Third International Safflower Conference. In: **International Safflower Conference 1993: Beijing, China**. Beijing Botanical Garden, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, 1993.

LIMA, E. R. **Consórcio de cártamo e feijão caupi: alternativa para a produção de biodiesel na agricultura familiar**. Natal: Universidade Federal do Rio Grande do Norte, 2014. 70p. (Dissertação - Mestrado em Desenvolvimento e Meio Ambiente).

LOVELLI S. M.; PERNIOLA, A. F.; FERRARA, A.; TOMMASO T. Yield response factor to water (Ky) and water use efficiency of *Carthamustinctorius* L. and *Solanummelongena* L. **Agricultural water management**, v. 92, n. 1-2, p. 73-80, 2007.

LU, S.; ZHANG, F. Q.; MENG, G. L.; WANG, Y. L. *Carthamustinctorius*L. oil and its using in food. **Food Research and Development**, v. 25, n. 4, p. 74–76. 2004.

MACHADO, I. P.; SILVA, F. H. O. D.; MATOS, R. F. D.; SILVA, T. P. D.; DOVALE, J. C.; Concordance between botanical groups and genetic diversity in peanut. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 4, p. 663-673, 2017.

MAGALHÃES, J. R. **ADUBAÇÃO NITROGENADA E POTÁSSICA NO DESENVOLVIMENTO DE *Carthamustinctorius* L.** Montes Claros: Universidade Federal de Minas Gerais, 2017. 59p. (Dissertação - Mestrado em Produção Vegetal).

MAPA-Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares DE CÁRTAMO (*Carthamustinctorius* L.)** Disponível em: [http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos\\_agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos\\_agricolas/formulario\\_cartamo\\_jan13p.doc](http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos_agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos_agricolas/formulario_cartamo_jan13p.doc). Brasil, 2013. Acesso em: 22 de Fevereiro de 2017.

MCGUIRE, P.E.; DAMANIA, A.B.;QUALSET, C.O. Safflower in California. The Paulden F. Knowles personal history of plant exploration and research on evolution, genetics, and breeding. **AgronomyProgressReport**, v. 313, 2012.

MEDEIROS, P. T. **Viabilidade técnica do biodiesel metílico do óleo de duas variedades de *Carthamustinctorius*L. como substituto do diesel de petróleo.** João Pessoa: Universidade Federal da Paraíba,2011. 88p. (Dissertação - Mestrado em Química).

MINGOTI, S. A. **Análise de Dados Através de Métodos de Estatística Multivariada: uma abordagem aplicada.**Belo Horizonte: Editora UFMG, 295p. 2005.

MIRZAHASHEMI, M.; GOLKAR, P.; MOHAMMADI-NEJAD, G. Gene Effects for Agronomic Traits in Safflower (*Carthamustinctorius*L.) under Drought Stress.**Ethno-PharmaceuticalProducts**, v. 1, n. 1, p. 23-28, 2014.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysisofgeneticdiversity in cropplants - salientstatistical tools andconsiderations. **Cropscience**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

MONTEIRO, E. R.; BASTOS, E. M.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F.; NUNES. J. A. R. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, v. 40, n. 2, p. 258-263, 2010.

MONTOYA, C. L. **El cultivo del cártamo (*Carthamustinctorius*L.) en México**. Editorial SGI. 1ed. Ciudad. Obregón, Sonora, México, 2010. 96 p.

MOURA, N. C.; SOUZA, I. S. D.; CANNIATTI-BRAZACA, S. G.; ARTHUR, V.; DIAS, C. T. D. S. Fatty acid profile in bread with flaxseed and exposed ionizing radiation with 60 CO<sub>2</sub>. **Bioenergia em Revista: Diálogos**, v. 4, n. 2, 2015.

MOURA, P. C. S.; BORTOLHEIRO, F. P. A. P.; GUIMARÃES, T. M.; LEAL D. P.V.; SILVA M. A. Características gerais e ecofisiologia do cártamo (*Carthamustinctorius*). **Journal of Agronomic Sciences**, Umuarama, v.4, n. especial, p.136-150, 2015.

MUNDEL, H. H.; BERGMAN, J. W.: Safflower In: VOLLMANN, J.; RAJCAN, I. **Handbook of plant breeding: Oil Crops**. New York: Springer, 2009. p. 422-447.

MUNDEL, H. H; BLACKSHOW, R. E; BYERS, J. R; HUANG, H. C; JOHNSON, D. L; KEON, R. **Safflower production on the Canadian Prairies**. Lethbridge: Canada. 2004, 36p.

NETO, J. C.; BERTINI, C. H. C. M; SILVA, A. P. M. Divergência genética entre genitores de algodoeiro de fibras brancas e coloridas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** v.10, n.4, p.492-498, 2015.

NORONHA, R. H.; ZERBATO, C.; DA SILVA, R. P.; ORMOND, A. T. S.; OLIVEIRA, M. F. Análise multivariada da colheita mecanizada de amendoim. **Engenharia Agrícola**, v. 38, n. 2, 2018.

OELKE, E. A.; OPLINGER, E. S.; TEYNOR, T. M.; PUTNAM, D. H.; BONECA, J. D.; KELLING, K. A.; DURGAN, B. R.; NOETZEL, D. M. **Safflower: Alternative Field Crops Manual**. Disponível em: <https://www.hort.purdue.edu/newcrop/afcm/safflower.html> 1992. Acesso em: 15 de Maio de 2017.

Office of The Gene Technology Regulator (OGTR). **The Biology of *Carthamustinctorius* L. (safflower)**. Disponível em: <http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/biology-documents-1> Australian, 2018. Acesso em: 15 de Junho de 2018.

OLIBONI, R. **Capacidade combinatória e divergência genética entre híbridos comerciais de milho recomendados para a região Centro-Sul do**



**Paraná.** Guarapuava: Universidade Estadual do Centro-Oeste, 2009. 95p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

OLIVO, M. **Cruzamentos dialélicos f1 e f2 em cártamo (*CarthamustinctoriusL.*)**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2017. 51p. (Tese - Doutorado em Agronomia).

OLIVEIRA, F. J. de; ANUNCIACÃO FILHO, C. J. da; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.

OLIVEIRA, S. L.; GOMES FILHO, A.; SOARES, D. P.; DE SOUZA, T. A. N.; LEANDRO, R. I.; RODRIGUES, E. N. Desempenho agrônômico de genótipos de girassol cultivados sob déficit hídrico no semiárido Mineiro. **Acta Iguazu**, v. 6, n. 4, p. 93-104. 2017.

PADOVANI, O. Análise da inter-relação da produtividade agrícola e característica climática na região sudeste do estado de mato grosso por técnicas multivariadas. **Engineering and Science**, v. 2, n. 6, 2017.

PAGLIOSA, E. S.; BENIN, G.; BECHE, E.; DA SILVA, C. L.; MILIOLI, A. S.; TONATTO, M. Identifying superior spring wheat genotypes through diallel approaches. **AustralianJournalofCrop Science**, v. 11, n. 1, p. 112, 2017.

PASCHOAL, T. S. **Genótipos de cártamo: produtividade de grãos, teor de óleo e acúmulo de nutrientes no oeste do Paraná.** Cascavel: Universidade Estadual do Oeste do Paraná, 2016. 44p. (Dissertação – Mestrado em Engenharia de Energia na Agricultura).

PAVITHRA, K. P.; RAJESH, S. P.; YALLAPPA, H.; NISHANTH, G. K. Assessmentofgeneticdiversity in safflower (*Carthamustinctorius L.*) Germplasms. **InternationalJournalofAgricultural Science andResearch (IJASR)**, v. 5, n. 5, p. 151-157, 2015.

PEARL, S.A.; BURKE, J.M. Genetic iversity in *Carthamustinctorius*(asteraceae; safflower), an underutilized oilseed crop. **American journalofbotany**, v. 101, n. 10, p. 1640-1650, 2014.

PEÑA, M.G. **Alternativas de análise para experimentos Gx E multiatributo.** Piracicaba: Universidade de São Paulo, 2015. 73p. (Tese - Doutorado em Ciências).

PEREIRA, F. A. C.; SOARES, A. F. Avaliação dos riscos envolvidos na produção de milho e soja nos municípios do Mato Grosso. **RevistaPecege**, v. 3, n. 2, p. 38-51, 2017.

PERVEEN, N. **Morphological characterization and identification of plant type of safflower (*Carthamustinctorius* L.) for late sown condition**. Raipur: Faculdade de agricultura indiragandhikrishivishwavidyalaya, 2016. 124p. (Dissertação - Mestrado em ciencia na Agricultura).

PINTO, L. O. G.; SORATTO, R. P.; GUIDORIZZI, F. V. C.; SILVA, M. M. Produtividade de grãos de cártamo em função da adubação nitrogenada em sistemas plantio **XXVIII Congresso de Iniciação Científica UNESP**, 2015.

POLETINE, J. P.; BORÁZIO, R. F.; BARELLI, M. A. A.; SEVERINO, J. J.; AUGUSTO, J.; SILVA, G. C. M. Quantificação da divergência genética entre híbridos superiores de girassol. **Journal of Agronomic Sciences**, Umuarama, v.5, n.1, p.29-45, 2016.

PUSHPAVALLI, S. N. C. V. L.; RAJESWARI, R. R.; SUDHAKAR, C. AssessmentOfGeneticDiversity In SafflowerGermplasmLines (*Carthamustinctorius* L.). **ElectronicJournalofPlantBreeding**, v. 6, n. 2, p. 546-549, 2015.

QI, M.; LI, C.; LU, H.; LIU, W. Effects of some herbs on microcirculation of blood of rat's mesentery. **Journal Chinese Traditional Medicine**, v. 25, n. 12, p. 65-67, 1984.

QUEIROZ, D. C. **Avaliação de progênies de meio-irmãos e identificação de clones promissores de pinhão-manso por meio de caracteres morfoagronômicos e moleculares**. Cruz das Almas: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2015. 116p. (Tese - Doutorado em Ciências Agrárias).

QUINTAL, S. R.; PIO V. A.; SIMÕES A. G. L.; GONZAGA P. M.; TEIXEIRA, A. J. Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 1, 2012.

RAHAMATALLA, A. B.; BABIKER, E. E.; KRISHNA, A. G.; EL TINAY, A. H. Changes in fatty acids composition during seed growth and physicochemical characteristics of oil extracted from four safflower cultivars. **Plant Foods for Human Nutrition**, v. 56, n. 4, p. 385-395, 2001.

RAMEEH, V. Multivariate analysis of some important quantitative traits in rapeseed (*Brassica napus*) advanced lines. **Journal of Oilseed Brassica**, v. 1, n. 2, p. 162-169, 2016.

RANGEL, P. H. N.; CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. FERREIRA, R. P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. **Revista Brasileira de Genética**, v. 14, n. 2, 1991.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.

RÊGO E. R.; RÊGO M. M.; CRUZ C. D.; FINGER F. L.; AMARAL D. S. S. L. Genetic diversity analysis of peppers: a comparison of discarding variable methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 1, p. 19-26, 2003.

RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J.A.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.

RHEINBOLDT, M. M.; RIZZATO, G. T.; MOURA, N. C.; CANNIATTI-BRAZACA, S. G.; ARTHUR, V.; DIAS, C. T. D. S. Análise descritiva quantitativa de pão francês enriquecido com linhaça e irradiado. **Bioenergia em Revista**, v. 4, n. 1, p. 73-84, 2014.

ROHLF, F. J. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Biology**, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.

ROCHA, E. K. **Fenologia e qualidade de *Carthamus tinctorius* L. em diferentes populações e épocas de cultivo**. Santa Maria: - Universidade Federal de Santa Maria, 2005. 72p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

ROMANI, G. E. **Análise multicausal das perdas na colheita de soja na região Oeste do Paraná**. Toledo: Universidade Estadual do Oeste do Paraná, 2018. 99p. (Dissertação – Mestrado em Desenvolvimento Regional e Agronegócio).

RUSCHEL, C. F. C.; HUANG, C. T.; SAMIOS, D.; FERRÃO, M. F. Análise exploratória aplicada a espectros de reflexão total atenuada no infravermelho com transformada de Fourier (ATR-FTIR) de blendas de biodiesel/diesel. **Química nova**, v. 37, n. 5, p. 810-815, 2014.

SANTOS, R. F.; SILVA, M.A. *Carthamustinctorius* L. Uma alternativa de cultivo para o Brasil. **Acta Iguazu, Cascavel**, v.4, n.1, p. 26-35, 2015.

SANTOS, D. B. D. **Procedimentos multivariados no agrupamento de genótipos de maracujazeiro com base em matriz de distância conjunta e em separado para características quantitativas e categóricas** Cruz das Almas: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2010, 61p. (Dissertação - Mestrado em Ciências Agrárias).

SANCHEZ, J. L. **Monitoramento da hidrogenação industrial do óleo de soja empregando cromatografia gasosa, espectroscopia de infravermelho médio e análise multivariada**. Campo Mourão: Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2015. 79p. (Dissertação – Mestrado em Tecnologia de Alimentos).

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. Piracicaba: Universidade de São Paulo, 2008. 131p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

SCHULZE, B. N.; SCHULTZ, C.; ULBRICH, A. Z.; BERTIN, R. L. Efeito da Suplementação de Óleo de Cártamo sobre o Perfil Antropométrico e Lipídico de Mulheres com Excesso de Peso Praticantes de Exercício Físico. **Revista Brasileira de Ciências da Saúde**, v. 18, p. 89-96, 2014.

SEHGAL, D.; RAINA, S. N. Genotyping safflower (*Carthamustinctorius* L.) cultivars by DNA fingerprints. **Euphytica**, v. 146, n. 1-2, p. 67-76, 2005.

SHAH, S. A. I.; KHAN, S. J.; ULLAH, K.; SAYAL, O. U. Genetic Diversity in Cotton Germplasm using Multivariate Analysis. **Sarhad Journal of Agriculture**, v. 34, n. 1, 2018.

SHARMA, N. C.; PUREY, S. **Safflower - An Ancient Wonderful Crop**. In: MUKHERJE, S. P. Everyman's Science. 3 ed. [S.l.]: [s.n.], v. XLIII, 2008.

SEHGAL, D.; RAINA, S. N. *Carthamus*. In: KOLE, C. **Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources**. Berlin: Springer, p. 63-95. 2011.

SEHGAL D.; RAINA S. N.; DEVARUMATHA, R. M.; SASANUMA, T.; SASAKUMA, T. Nuclear DNA assay in solving issues related to ancestry of the domesticated diploid safflower (*Carthamustinctorius* L.) and the polyploid (*Carthamus*) taxa, and phylogenetic and genomic relationships in the genus *Carthamus* L. (Asteraceae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 53, p. 631-644, 2009.

SHINWARI, Z. K.; REHMAN, H.; RABBANI, M. A. Morphological traits based genetic diversity in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) **Pak. J. Bot.**, v. 46, n. 4, p. 1389-1395, 2014.

SHIVANI, D.; SREELAKSHMI, C. H.; KUMAR, C. V. Genetic divergence studies in safflower *Carthamus tinctorius* (L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 1, n. 5, p. 1354-1357, 2010.

SHOJAEI, S. H.; EIVAZI, R.; SHOJAEI, M. S.; AKBARI, A.; MAZLOOM, P.; SADATI, S. M.; FARBAKSHI, F. The Study of Genetic Diversity in Canola Cultivars of Kashmar-Iran Region. **Journal of Agricultural and Biosystems Engineering**, v. 5, n. 1, 2018.

SILVA, C. J.; **Caracterização agrônômica e divergência genética de acessos de cártamo**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2013. 51p. (Tese - Doutorado em Agricultura).

SILVA, F. K. G.; SILVA, S. G. A.; DINIZ, A. L., ARRIEL, N. H. C. Caracterização Preliminar De Acessos De Cártamo Da Embrapa Algodão. IN: 59º Congresso Nacional de Botânica, 2008. Disponível em: [http://www.botanica.org.br/trabalhoscientificos/59CNBot/59CNBot\\_bioconserv\\_141.pdf](http://www.botanica.org.br/trabalhoscientificos/59CNBot/59CNBot_bioconserv_141.pdf)

\_\_\_\_\_. SILVA, R. C. **Métodos AMMI e GGE no estudo da interação genótipos x ambientes em algodão**. Campina Grande: Universidade Estadual da Paraíba, 2016. 57p. (Dissertação - Mestrado em Ciências Agrárias).

SILVA, C. J.; DA SILVA, A. C.; ZOZ, T.; TOPPA, E. V. B.; SILVA, P. B.; ZANOTTO, M. I. D. Genetic divergence among accessions of *Carthamus tinctorius* L. by morphoagronomic traits. **African Journal of Agricultural Research**, v. 10, n. 52, p. 4825-4830, 2015.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SINGH, V.; NIMBKAR, N. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.), **Genetic resources, chromosome engineering and crop improvement**, p. 49-89. 2006.

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

SMITH, J. R. **Safflower. Emphasis is on Origin of Safflower Production, Marketing and Research in the USA.** Champaign: AOCS Press. 624 p. 1996.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

SOUZA, L. A. **Determinação e avaliação da bioacessibilidade de minerais em amostras de linhaça e gergelim por espectrometria de emissão óptica com plasma indutivamente acoplado.** Salvador: Universidade Federal da Bahia, 2016. 85p. (Dissertação - Mestrado em Química).

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; JÚNIOR, R. A. L. **Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja** *Revista de Ciências Agrárias*, v.38, n.1, 2015.

ULLAH, F.; BANO, A. Effect of plant growth regulators on oil yield and biodiesel production of safflower (*Carthamustictorius* L.). **Brazilian Society of Plant Physiology**, v. 21, n. 1, p. 27- 31, 2011.

UPADHYAYA, H. D.; NIGAM, S. N. Inheritance of two components of early maturity in groundnut (*Arachishypogaea* L.). **Euphytica**, v. 78, n. 1-2, p. 59-67, 1994.

VAL, B. H. P.; JÚNIOR, J. A. F.; BIZARI, E. H.; MAURO, A. O.; TREVISOLI, S.H.U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agro morfológicos. **Revista Ciência e Tecnologia: FATEC-JB**, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo de análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, 2007.

VELASCO, L., B. PÉREZ-VICH, J.M. FERNÁNDEZ-MARTÍNEZ. Identification and genetic characterization of a safflower mutant with a modified tocopherol profile. **PlantBreeding**, v. 124, n. 5, p. 459-463, Out. 2005.

VOGT, G. A.; JUNIOR, A. A. B.; SOUZA, A. M. Divergência fenotípica em genótipos de girassol. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 11, n. 1, p. 26-34, 2014.

WANG, G.; YILI, L. Clinicalapplicationofsafflower (*Carthamustinctorius* L.) **Zhejiang. J TradChineseMed**, v. 20, p. 42-43, 1985.

WEI, C. K.; THAKUR, K.; LIU, D. H.; ZHANG, J. G.; WEI, Z. J. Enzymatic hydrolysis of flaxseed (*Linum usitatissimum* L.) protein and sensory characterization of Maillard reaction products. **Food chemistry**, v. 263, p. 186-193, 2018.

WEISS, E. **Safflower. Oilseed Crops**. Victoria: Blackwell Science Ltd., 2000.

WEISS, E. A. **Oilseed Crops**. Safflower. Longman Group Limited, Longman House, London, UK. p. 216-281. 1983.

WEISS, E. A., Castor, Sesame and Safflower. Leonard Hill, London, p. 311-525. 1971.

YAU, S. S.; RYAN, J. Response of rainfed safflower to nitrogen fertilization under Mediterranean conditions. **Industrial Crops and Products journal**, v. 32, p. 318–323, 2010.

YEILAGHI, H.; ARZANI, A.; FOTOVAT, R.; FEIZI, M.; GHADERIAN, M.; POURDAD, S. S. Effect of salinity on seed oil content and fatty acid composition of safflower *C. tinctorius* L. genotypes. **Foodchemistry**, v.130, n.3, p.618-625, 2012.

ZAHRAN, A. M.; OMRAN, M. F.; MANSOUR, S. Z.; IBRAHIM, N. K. Effectiveness of *Carthamus Tinctorius* L. in the restitution of lipid composition in irradiated rats. **Egyptian Journal of Radiation Sciences and Applications**, v. 20, n. 1, p. 75-94, 2007.

ZOZ, T. **Avaliação de genótipos de cártamo quanto ao desempenho agrônômico, divergência genética e produtividade da água**. Botucatu: Universidade Estadual Paulista, 2015. 64p. (Tese -Doutorado em Agronomia).

ZOZ, T. **Correlação e análise de trilha de produtividade em grãos e seus componentes e caracteres de planta em cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) e mamona (*Ricinus communis* L.)**. Botucatu:Universidade Estadual Paulista, 2012. 54p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).