

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes
Maldonado”
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS**

DHIELIDA TORQUATO DOS SANTOS

**Dissimilaridade genética mediante análises químicas e teor de óleo
de *Carthamus tinctorius* L.**

**CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
Março - 2020**

DHIELIDA TORQUATO DOS SANTOS

**Dissimilaridade genética mediante análises químicas e teor de óleo
de *Carthamus tinctorius* L.**

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
Março - 2020

**Dissimilaridade genética mediante análises químicas e teor de óleo
de *Carthamus tinctorius* L.**

DHIELIDA TORQUATO DOS SANTOS

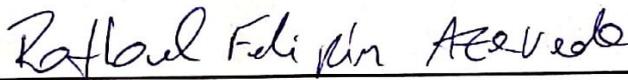
Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO Carlos Alberto Reyes Maldonado, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 04 de Março de 2020

Comissão Examinadora



Prof. Dr. Marco Antônio Aparecido Barelli
Orientador – UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos
Alberto Reyes Maldonado



Prof. Dr. Rafael Felipin Azevedo
UNIVAG - Centro Universitário de Várzea Grande



Prof. Dr. José Wilson Pires Carvalho
UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes
Maldonado

Luiz Kenji Umeno Alencar CRB 1/2037

SANTOS, Dhielida Torquato Dos.
S237d Dissimilaridade Genética Mediante Análises Químicas e Teor de Óleo de Carthamus Tinctorius L. / Dhielida Torquato dos Santos - Alta Floresta/Cáceres/Tangará da Serra, 2020.
63 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, 2020.
Orientador: Marco Antonio Aparecido Barelli
Coorientador: . Rafael Felipin Azevedo

1. Cártamo. 2. Divergência Genética. 3. Óleo. I. Dhielida Torquato dos Santos. II. Dissimilaridade Genética Mediante Análises Químicas e Teor de Óleo de Carthamus Tinctorius L.: .
CDU 582.99

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela proteção, saúde, por me guiar e conduzir durante a minha vida e por estar comigo sempre.

À Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT pela oportunidade conferida.

Ao Centro Tecnológico de Mato Grosso - CTMAT por ceder o laboratório e os materiais utilizados nesta pesquisa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior – CAPES pela bolsa oferecida.

Ao meu orientador, Marco Antonio Aparecido Barelli, pela orientação, pelos ensinamentos e pela valiosa colaboração durante todo trabalho de pesquisa.

Ao meu coorientador, Rafael Filipin Azevedo, pela contribuição nesta pesquisa.

Ao professor José Wilson Pires Carvalho pela parceria e orientação durante a pesquisa.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - PGMP pelas oportunidades de geração de conhecimentos e qualificação.

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

À Jéssica Daiane Batista dos Santos e família por todo amparo e parceria durante os três meses de pesquisa, recebendo-me em sua casa.

Aos amigos de mestrado, em especial à Érika Loraine da Silva, João Paulo Egues Lira, Catiane dos Santos Braga, Beatriz Fernanda Silva Lima, Denise Caragnato Parisotto e Géssica Tais Zanetti, por todos os momentos compartilhados.

E aos amigos e companheiros de laboratório pela colaboração nos trabalhos e pelos momentos de descontração e companheirismo durante esses dois anos.

BIOGRAFIA

Dhielda Torquato dos Santos nasceu em 22 de outubro de 1992 na cidade de Araputanga- MT, filha de Dionisio Afonso dos Santos e Maria Aparecida Torquato dos Santos

Diplomou-se em Tecnologia em Biocombustíveis, em agosto de 2017, pela Instituto Federal de Mato Grosso - IFMT, Campus de Cáceres, MT.

Em março de 2018, iniciou o curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na linha de pesquisa em Melhoramento Genético Vegetal, na Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, em Cáceres, MT.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	10
2.	REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1.	<i>Carthamus tinctorius</i> L.....	12
2.2.	Produção e uso do cártamo	13
2.3.	Características dos óleos e parâmetros de qualidade.....	15
2.4.	Melhoramento genético do cártamo.....	16
2.5.	Estimativa de parâmetros genéticos e análise multivariada.....	18
3.	MATERIAIS E MÉTODOS	22
3.1.	Localização e extração do óleo	23
3.2.	Características avaliadas	24
3.2.1.	Teor de óleo.....	24
3.2.2.	Caracterização química do óleo de cártamo	25
3.3.	Análises estatísticas.....	28
3.3.1.	Análise de variância univariada.....	28
3.3.2.	Parâmetros genéticos	29
3.3.3.	Agrupamento entre médias.....	30
3.3.4.	Análise multivariada	30
3.3.5.	Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i> D_{ii}^2	31
3.3.6.	Análise de agrupamento	32
3.3.7.	Método de otimização de Tocher	32
3.3.8.	Método hierárquico de UPGMA	33
3.3.9.	Coeficiente de correlação cofenética.....	34
3.3.10.	Variáveis canônicas.....	35
3.3.11.	Importância relativa dos caracteres	37
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39

4.1. Análise de variância univariada.....	39
4.2. Parâmetros genéticos.....	46
4.3. Análise multivariada	48
4.3.1. Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i> D_{ii}^2	48
4.3.2. Análise de grupamento pelo Tocher e UPGMA.....	49
4.4. Representação gráfica tridimensional	56
4.5. Variáveis canônicas.....	57
4.6. Importância relativa dos caracteres	58
5. CONCLUSÃO.....	60
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61

RESUMO

SANTOS, Dhielda Torquato, M.Sc., UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MATO GROSSO “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Março de 2020, **Dissimilaridade genética mediante análises químicas e teor de óleo de *Carthamus tinctorius* L.** Professor Orientador: Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli, Professor Conselheiro: Dr. Raphael Felipin Azevedo.

A cultura do *Carthamus tinctorius* se destaca por apresentar excelência na qualidade e alto teor de óleo em suas sementes, podendo ser empregado na indústria com diversas finalidades como para alimentos e fármacos ou para a produção de energia via biodiesel. Por apresentar tolerância ao déficit hídrico seu cultivo pode ser indicado em condições com umidade reduzida, como no período de segunda safra para a região Centro Oeste do Brasil. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar 122 genótipos de cártamo oriundos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Instituto Mato-Grossense do Algodão (IMA-MT), com base no teor e análises químicas do óleo, a fim de identificar genótipos com características superiores em relação ao óleo, por meio de análise multivariada, visando a ampliação de informações dessa cultura. As características analisadas foram: teor de óleo; índice de acidez; índice de iodo e índice de saponificação. Os dados foram submetidos à análise de variância e a análise multivariada com base na distância generalizada de *Mahalanobis* para estimar a divergência genética, onde se empregou o método de agrupamento de Tocher, UPGMA, variáveis canônicas e importância relativa dos caracteres. Os resultados indicaram diferenças significativas ($p < 0,01$) para todas as variáveis analisadas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos para as características de análises químicas e teor de óleo. Os materiais que mais se destacaram para as quatro variáveis analisadas foram os genótipos: 113, 85, 100, 27, 59, 41, 15, 30, 61, 2, 103, 40, 53, 93, 13, 87, 108, 95, 116, 29, 118, 112, 80, 122 e 87. A seleção de genótipos baseado nos resultados das análises avaliadas e divergência genética pode contribuir significativamente para obtenção de híbridos com melhor teor e qualidade do óleo, sugerindo as seguintes combinações: 113 x 116, 85 x 87, 100 x 53, 27 x 118, 59 x 95, 41 x 40 e 15 x 112.

Palavras-Chave: Análise multivariada; Cártamo; Qualidade.

ABSTRACT

SANTOS, Dhielda Torquato, M.Sc., MATO GROSSO STATE UNIVERSITY “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, March, 2020. **Genetic dissimilarity through chemical analysis and oil content of *Carthamus tinctorius* L.** Advisor: PhD. Marco Antonio Aparecido Barelli, Co - advisor: PhD. Raphael Felipin Azevedo.

Carthamus tinctorius L. crop stands out for presenting excellence in quality and high oil content in its seeds, what allow its use in industry for different purposes, such as for food and pharmaceuticals or for energy production by biodiesel. Due to its tolerance to water deficit, its cultivation may be indicated for conditions with reduced humidity, such as in out of season for the Brazil midwest Region. So, this study aimed to evaluate 122 safflower genotypes from Germplasm Active Bank (BAG) of Instituto Mato-Grossense do Algodão (IMA-MT), based on oil content and its chemical analyzes, in order to identify genotypes with superior characteristics in relation to it, through multivariate analysis, aiming to expand information about this crop. The following characteristics were analyzed: oil content; acidity level; iodine index and saponification index. Data were submitted to variance and multivariate analysis based on *Mahalanobis* generalized distance to estimate genetic divergence, by using Tocher's grouping method, UPGMA, canonical variables and relative importance of characters. Results indicated significant differences ($p < 0.01$) for all variables analyzed, showing the existence of genetic variability among genotypes for evaluated characteristics of chemical analysis and oil content. Superior genetic materials for variables analyzed were the following genotypes: 113, 85, 100, 27, 59, 41, 15, 30, 61, 2, 103, 40, 53, 93, 13, 87, 108, 95, 116, 29, 118, 112, 80, 122 and 87, respectively. Genotypes selection based on the results evaluated analyzes and genetic divergence may significantly contribute to obtaining hybrids with most oil content and quality, suggesting the following combinations: 113 x 116, 85 x 87, 100 x 53, 27 x 118, 59 x 95, 41 x 40 and 15 x 112.

Keywords: Multivariate analysis; Safflower; Quality.

1. INTRODUÇÃO

A geração de energia com reduzido impacto ao meio ambiente é uma necessidade em nível mundial. Neste sentido, avaliações de espécies com características favoráveis para a produção de bioenergia é uma constante e o comércio de óleo vegetal apresenta uma demanda crescente ano a ano, onde a produção mundial de oleaginosas com esta finalidade está prevista para atingir 574,8 milhões de toneladas em 2019/20 (USDA, 2019).

O Brasil apresenta potencial agrícola para produção de biocombustíveis e de outros derivados de óleos vegetais visando atender tanto o mercado nacional quanto o mundial (Laviola et al., 2013). Neste contexto, o *Carthamus tinctorius* L. é uma oleaginosa pertencente à família asteraceae, cultivada principalmente em regiões com clima árido e semiárido pelo mundo (Khan et al., 2009; Yeilaghi et al., 2015), com aptidão para ser cultivada em condições com umidade reduzida, como no período de segunda safra no Centro-Oeste do Brasil.

A cultura de cártamo apresenta interesse econômico por oferecer alta variabilidade de matérias-primas (Vivas, 2002), pois pode ser utilizada como uma importante cultura energética, cultura para flor de corte, utilização com fins medicinais, na produção de suplemento proteico e na alimentação animal, em função de possuir aproximadamente 35% de proteínas em suas sementes (Vivas, 2002; Emongor, 2010).

O óleo de cártamo é alvo de estudos devido a sua qualidade, com potencial para ser empregado na indústria de alimentos, fármacos e produção de biocombustíveis em muitos países, existindo um direcionamento de pesquisas para o desenvolvimento de cultivares com o propósito de aumentar a produção e, conseqüentemente, o rendimento do seu óleo (Ullah e Bano, 2011; El-Lattief, 2012).

Estudos caracterizando a qualidade do óleo de cártamo visando direcionar o programa de melhoramento são necessários, pois dependendo da classificação do óleo produzido, pode-se ter diferentes finalidades nas indústrias. Portanto, avaliar o teor e a qualidade do óleo via parâmetros químicos, com intuito de caracterizar genótipos pertencentes a uma coleção de trabalho, fornece importantes informações

que podem ser determinantes no direcionamento do programa de melhoramento genético para a cultura do cártamo.

Desta forma, o objetivo deste trabalho é avaliar genótipos de cártamo com base no teor de óleo e análises químicas, a fim de identificar acessos com características superiores em relação ao óleo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Carthamus tinctorius* L.

O *Carthamus tinctorius* L., popularmente conhecido como cártamo ou açafão bastardo, pertence à família Asteraceae. Originário da Ásia e África é uma cultura apreciada desde a antiguidade, pelo fato de suas flores serem fonte de corantes vermelho utilizadas no sudoeste Asiático para tingimento de tecidos, e o corante amarelo, para uso culinário (Oelke et al., 1992).

Esta espécie é utilizada em muitos países como cultura oleaginosa, mas existem também cultivares com características associadas à produção de flores (Oliveira, 2007; Pintão e Silva, 2008). As cultivares de cártamo, geralmente, são classificadas em dois grupos, o oleico e linoleico, feita de acordo com a composição do óleo (Oelke et al., 1992; Silva, 2013).

O cártamo é uma espécie diploide, com um número de cromossomos de $2n = 24$ (Ashri e Knowles, 1960; Ekin, 2005). É uma planta predominantemente autógama, numa taxa superior a 90% de autofecundação, embora existam genótipos que possuem uma taxa de até 50% de autofecundação, e a fecundação cruzada por polinização entomófila, onde as abelhas são os principais agentes polinizadores (Dajue e Mündel, 1996).

É uma cultura anual, do tipo herbácea, e seu ciclo normalmente ocorre de 110 a 150 dias, o que pode variar em função das características do genótipo e as condições ambientais (Emongor, 2010). Possui sistema radicular pivotante e apresenta uma raiz principal que se alonga até 3m de profundidade, o que facilita a extração de água e nutrientes de camadas mais profundas do solo, que ajudam a suportar elevados períodos de estresse hídrico, podendo ser consorciada a outras culturas em regiões do semiárido (Oelke et al., 1992; Omid et al., 2012).

A disseminação é realizada por sementes e a germinação acontece entre 3 e 8 dias após a semeadura onde o início de seu florescimento ocorre entre 60 e 100 dias após a emergência; essa é a fase em que os componentes de produção como número de capítulos por planta e número de grãos por capítulo são determinados (Emongor, 2010).

A planta pode chegar entre 30cm e 150cm de altura, possui caule ereto, folhas com coloração verde escuro brilhante, oblongas e dentadas que se tornam espinhosas no período da floração (Dajue e Mündel, 1996; Montoya, 2010); produz ramificações em número variável que são classificadas como primárias, secundárias e terciárias, onde cada ramificação produz de 1 a 5 capítulos de coloração branca, amarela, laranja ou vermelha (Burkart, 1974; Bellé et al., 2012), que varia de acordo com o genótipo, ambiente e o manejo cultural (Sigh e Nimbkar, 2006).

A floração começa na haste central e se espalha para fora; o estágio de flor dura de 14 a 21 dias dependo do clima disponível e os capítulos apresentam variação de trinta ou mais sementes. A maturidade fisiológica ocorre de 4 a 6 semanas após o início da floração (Silva, 2013) e o ponto de colheita é identificado quando as plantas apresentam uma coloração marrom que ocorre entre 120 e 150 dias após emergência (Emongor, 2010). Sua semente é eurispérmica, pois apresenta formato irregular com ápice achatado e base arredondada, com coloração branca amarelada quando seca, e acinzentada, quando hidratada. (Mündel et al., 2004; Abud et. al., 2010).

O desenvolvimento do cártamo tem seu melhor desempenho em temperaturas na faixa de 20-35 °C (Coronado, 2010), onde condições de clima seco e quente favorecem a sua adaptação (Dajue e Mundel, 1996), o que o torna uma planta resistente a altas temperaturas (Oelke et al., 1992) e se adequa a regiões de inverno seco e, especialmente, o Centro-Oeste que possui extensas áreas que ficam em pousio no período de outono-inverno, época de baixa precipitação pluviométrica, que culturas tradicionais são inviáveis quando não se dispõe de irrigação (Silva, 2013).

2.2. Produção e uso do cártamo

O cártamo é cultivado em vários países, com uma área plantada equivalente a 1 milhão de hectares e sua produção é estimada em 700 mil toneladas/ano (Moura et al., 2015). Com relação à área de produção, os seis maiores produtores de cártamo, em 2016, foram Rússia, com 286,35 toneladas; Cazaquistão, com 167,24

toneladas; México, com 121,76 toneladas; Estados Unidos, com 99,83 toneladas; Turquia, com 58,00 toneladas, e a Índia, com 53,00 toneladas (FAOSTAT, 2018).

É grande o cultivo para produção de flores desde a sua descoberta, que são usadas em corantes, aromatizantes, propriedades medicinais e ração animal (Mundel e Bergman, 2009), podendo ainda serem usadas para produção de flores secas e para fins ornamentais, devido à intensa coloração que suas flores apresentam (Hofbauer e Pelikan 1997).

Além disso, suas sementes com alto teor de 35% a 50% de óleo e de excelente qualidade, são o principal uso desta cultura (Vivas, 2002; Galavi, 2012). O óleo de cártamo é destinado para as indústrias com diversas finalidades como, na fabricação de tintas, vernizes, esmaltes, sabões, na indústria farmacêutica, na produção de biodiesel, alimentação humana e fins medicinais, podendo ser usada também na alimentação de pássaros e ruminantes (Ekin, 2005; Danieli et al., 2011).

Segundo o Ministério de Minas e Energia (2018), com o aumento do percentual obrigatório de biodiesel ao óleo diesel para 11% (B11) e até 2023 de 15% (B15) Resolução CNPE nº 16, de 2018 (ANP, 2019), a estimativa é que a produção de biodiesel no Brasil, conseqüentemente, aumente também, o que representa um aumento de 85% da demanda doméstica, fazendo com que o Brasil possa se tornar o maior produtor de biodiesel no mundo.

Hoje, o Brasil é o segundo maior produtor de biodiesel do mundo, atrás somente dos Estados Unidos, e o estado de Mato Grosso está entre os três estados que lideram o ranking na produção no País; o biodiesel é o mercado que cresce cada vez mais no Brasil, e para atender à adição de 1% na mistura do B11, será necessário ver potencial em outras fontes de óleo vegetal (Biodieselbr, 2019).

No Brasil, o cultivo de cártamo se restringe a áreas de pesquisa, porém, em função das características apresentadas pela cultura como ciclo de desenvolvimento curto, tolerância à deficiência hídrica, pequena ou nula, a resposta ao foto período e alto teor de óleo, o cultivo de cártamo se torna uma importante alternativa para o cultivo no período de safrinha em sucessão a culturas tradicionais como soja, milho e algodão (Guidorizzi et al., 2015).

2.3. Características dos óleos e parâmetros de qualidade

Os óleos e gorduras são substâncias insolúveis em água, de origem animal ou vegetal, formados predominantemente por ésteres de triacilgliceróis, produtos resultantes da esterificação entre o glicerol e ácidos graxos (Moretto e Fett, 1998). Os óleos vegetais são de grande interesse por serem utilizados de diversas maneiras, como produtos alimentícios, cosméticos, matéria-prima para tinta, vernizes e lubrificantes, entre outras aplicações, sendo uma das principais fontes de energia utilizadas pelo homem desde a antiguidade (Nunes, 2007).

Diversas culturas oleaginosas podem ser utilizadas na obtenção de óleos vegetais, como a soja, canola, algodão, mamona, dendê, amendoim, girassol, coco dentre outros, como o cártamo (Correia et al., 2014). O óleo de cártamo possui coloração amarelo dourado e sabor oleaginoso, contém os ácidos graxos saturados palmíticos (C16: 0) e esteárico (C18: 0) e os ácidos graxos insaturados oleicos (C18: 1), linoleicos (C18: 2) e linolênico (C18: 3) (Camas e Esendal, 2006).

Existem vários métodos para a extração de óleos vegetais, no entanto, os mais utilizados são a extração mecânica e por solvente (Ramalho e Suarez, 2013). A extração mecânica pode ser realizada pela técnica de prensagem, assim, o produto obtido mantém suas propriedades naturais (Moretto e fett, 1998), sendo largamente utilizada em extrações com sementes na indústria (Faugno et al., 2016).

Uma das técnicas mais tradicionais de extração com solventes é a de Soxhlet, que foi desenvolvida por Franz von Soxhlet em 1879 e vem sendo considerada padrão há mais de um século (Castro e Priego-Capote, 2010), sendo uma operação de transferência de massa amplamente utilizada na indústria de alimentos para retirar o óleo de sementes oleaginosas e que pode se utilizar numa ampla variedade de solventes (Perry et al., 2008).

Determinar a qualidade e a estabilidade dos óleos são necessários para qualquer finalidade específica (Mousavi et al., 2012), portanto, alguns parâmetros de qualidade devem ser realizados. Dentre eles, temos algumas análises químicas como os índices de acidez, índice iodo e índice de saponificação. Essas determinações que são geralmente chamados de índices, são expressões de suas

propriedades químicas dos mesmos e não as porcentagens dos seus constituintes. São estes índices que, juntamente com as reações características, servem para identificação e avaliação da maioria dos óleos e gorduras, sendo o resultado da análise baseado neste conjunto de dados (Zenebon et al., 2008).

O índice de acidez revela o estado de conservação do óleo, a acidez em óleos brutos é decorrente da hidrólise enzimática que ocorre na semente em condições de alta umidade. A decomposição dos glicerídeos é acelerada pelo aquecimento e pela luz e a rancidez é quase sempre acompanhada pela formação de ácido graxo livre. No processo de refino, a acidez é reduzida implicando numa medida de controle de qualidade do óleo (Machado et al., 2006).

O índice de iodo de um óleo ou gordura é a medida do seu grau de insaturação e é expresso em termos do número de centigramas de iodo absorvido por grama da amostra; quando o óleo apresenta alto valor de iodo indica que ele está mais susceptível a reação de oxidação e rancificação (Zenebon et al., 2008; Egbunu et al., 2015).

Já o índice de saponificação é definido como a quantidade de álcali, necessário para saponificar uma quantidade definida de amostra. Este método é aplicável a todos os óleos e gorduras e expressa o número de miligramas de hidróxido de potássio, necessário para saponificar um grama de amostra (Zenebon et al., 2008).

A qualidade dos óleos vegetais é de grande importância, pois está diretamente relacionada à qualidade da matéria-prima, vida de prateleira, à sua estabilidade perante o contato externo, alta temperatura, luz visível e oxigênio, podendo ocasionar rancidez hidrolítica e oxidativa (Ferreira, 2016). Assim, vários trabalhos foram realizados através de análises químicas em diversas espécies oleaginosas, a fim de verificar a qualidade do óleo (Jasper et al., 2013; Luz et al 2011; Oliveira et al., 2013; Costa et al., 2015).

2.4. Melhoramento genético do cártamo

A avaliação da diversidade genética em culturas é de interesse para a conservação de genes, ampliação da base genética e aplicações práticas em

programas de melhoramento (Amini et al., 2008). A existência de variabilidade genética na população é condição básica para que se obtenha sucesso em um programa de melhoramento genético (Ivoglio et al., 2008), onde para formação de população-base, recomenda-se o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes (Vellini, 2007).

Em um programa de melhoramento de cártamo, o objetivo principal é o aumento do rendimento, porém, os pesquisadores tem se adaptado para atender as exigências do mercado, como resistência a pragas, a doenças com cultivares com elevados teores de óleo e de qualidade (Kisha e Johnson, 2012; Ekin, 2005). Os principais programas de melhoramento de cártamo estão localizados na Índia, Estados Unidos e México, com campos de pesquisa em entidades públicas e empresas privadas (Mündel e Bergman, 2009; Coronado, 2010).

A existência de heterose é bem conhecida no cártamo para características como o rendimento de grãos, porcentagem de óleo na semente, altura de planta, entre outras. A descoberta do efeito de macho-esterilidade tem sido importante no seu estudo, os resultados experimentais obtidos poderão ser aplicados à produção comercial, principalmente para o incremento do rendimento de óleo e os seus componentes qualitativos, além da resistência às principais doenças. Tudo isso, sem dúvida, tenderá ao aumento na posição do cártamo como uma importante fonte de óleo comestível (Dajue e Mundel, 1996).

A identificação de fontes genéticas de esterilidade masculina em cártamo e o desenvolvimento de linhagens macho estéreis agronomicamente superiores, resultou no lançamento de híbridos de cártamo na Índia (Singh e Nimbkar, 2007). Elfadl et al. (2010) avaliaram a diversidade entre 468 acessos de cártamo, avaliando doze características fenotípicas e encontrou ampla variabilidade que pode ser explorada para o início de um programa de melhoramento, afim de introduzir o cultivo de cártamo na Alemanha.

Gracia et al. (2010) descreveram uma série de cultivares de ambos os grupos, bem com suas principais características morfológicas e agrônômicas. Omidi et al. (2012), em seus estudos avaliando a variação genética e ambiental para produção de sementes e teor de óleo, descobriram que o sucesso da introdução e

desenvolvimento de cártamo em um determinado país ou região depende em grande parte do rendimento de sementes e do conteúdo de óleo.

Para sustentar a introdução do cultivo de cártamo no Brasil, é preciso ampliar a base genética das linhas de reprodução. Isso requer a avaliação da diversidade genética nos acessos de germoplasma, que pode fornecer variabilidade genética em larga escala. Também é necessária mais informação para descobrir genótipos adaptados que sejam adequados para o sistema de agricultura.

2.5. Estimativa de parâmetros genéticos e análise multivariada

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental no melhoramento de plantas, uma vez que permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada nas populações (Câmara et al., 2007).

A estimação de parâmetros genéticos como coeficiente de variação genético e herdabilidade são de suma importância, pois permite conhecer a variabilidade genética, o grau de transmissão do componente genético na expressão dos caracteres e se existe uma relação entre eles (Rocha et al., 2003).

Segundo Poletine et al. (2013) a herdabilidade, o coeficiente de variação genético (CVg) e a relação CVg/CVe (coeficiente de variação ambiental) são metodologias usadas para quantificar a variabilidade genética disponível na população, quando se deseja determinar o potencial para fins de melhoramento. A magnitude da herdabilidade indica a confiabilidade com a qual o genótipo pode ser reconhecido pela sua expressão fenotípica (Chandraba e Sharma, 1999).

Sendo assim, é possível fazer previsões do efeito da seleção e planejar estratégias de melhoramento. Para isto, o pesquisador precisa conhecer o modo que determinadas espécies transmitem seus genes para gerações futuras. Assim, a estrutura genética da população aliada a procedimentos estatísticos apropriados permite estimar ganhos genéticos e prever se determinados indivíduos poderão ou não ser utilizados nas etapas seguintes em um programa de melhoramento (Vencovsky e Barriga, 1992).

É importante a avaliação contínua de genótipos, a fim de determinar o comportamento agronômico dos mesmos e sua adaptação às diferentes condições locais (Porto et al., 2007; Ivanoff et al., 2010). Os estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma (Cruz e Carneiro, 2003).

Para determinar quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra são utilizados métodos biométricos, onde se quantifica ou se estima a heterose, que são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Sudré, 2005), sendo indicada para programas com grande quantidade de genótipos em seu banco de germoplasma (Gerhardt, 2014), baseia-se em características quantitativas e qualitativas (Cruz e Regazzi, 2001).

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 média como medida de dissimilaridade (Cruz et al., 2012; Streck et al., 2017).

A distância generalizada de *Mahalanobis* leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas, quando o experimento se encontra em delineamento experimental (Cruz e Carneiro, 2003). Oferece vantagem por levar em consideração o efeito do ambiente e a possibilidade de correlação entre os caracteres, porém, necessita de ensaios experimentais com repetições (Cruz et al., 2012).

A partir dos cálculos de distâncias genéticas, têm sido reproduzidas variações de modelos matemáticos que estimam formas variadas na representação do grau de coincidência com que os distintos pares de genótipos apresentam no conjunto de variáveis mensuradas em um experimento. Os dados são apresentados em uma matriz simétrica; a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica (Streck et al., 2017).

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) é uma medida de concordância entre os valores originais de dissimilaridade e os representados pelo

dendrograma, quanto maior o CCC menor será a distorção do agrupamento (Cruz e Carneiro, 2006).

Os métodos de agrupamento podem ser divididos em hierárquicos e de otimização (Cruz, 2005) e tem por finalidade separar um grupo original em subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Bertan et al., 2006). Hair Jr. et al. (2005), definiram a análise de agrupamento como uma técnica multivariada que tem por finalidade agrupar indivíduos em dois ou mais grupos com base na similaridade dos indivíduos em relação a um conjunto de caracteres que eles possuem.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete sucessivamente até que seja construído um dendrograma, sendo que dentre as diversas metodologias, a da ligação média entre pares de grupos não ponderados (UPGMA) é uma das mais utilizadas para a identificação de grupos de genótipos similares (Cruz et al., 2004).

O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher, apresentado em Cruz e Carneiro (2006), constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos genótipos em grupos de uma só vez. Esse método utiliza um único critério de agrupamento e possui a particularidade de apresentar a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos.

A diferença 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, onde, cabe ao pesquisador adotar aquele que melhor represente o agrupamento, com base no seu conjunto de dados (Bertan et al., 2006).

No método, com base em variáveis canônicas, avalia-se a similaridade dos progenitores por meio de dispersão gráfica, onde são considerados dois eixos cartesianos (Cruz et al., 2004). Esse tipo de análise permite o descarte daquelas características que pouco contribuem para a variabilidade genética entre as cultivares avaliadas, possibilitando economia de tempo, mão-de-obra e recursos financeiros em futuros estudos (Cruz e Regazzi, 1994).

Diversos estudos sobre divergência genética em pesquisas de diferentes culturas oleaginosas de grande interesse econômico utilizando a técnica de análise multivariada são realizados como relatados pelos seguintes autores, soja (Rodrigues et al., 2017), girassol (Rigon et al., 2012; Montalvão et al., 2015; Mendoza e Noldin, 2016), milho (Nardino et al., 2017; Silva et al., 2015; Alves et al., 2015), amendoim (Buratto et al., 2016).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

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

3.1. Localização e extração do óleo

Todas as análises foram realizadas no laboratório de matéria-prima para produção de biodiesel da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) Campus de Barra do Bugres, onde a variável Teor de óleo foi obtida após o processo de extração e cálculo do rendimento em óleo fornecido por cada genótipo.

Após o beneficiamento das sementes de cártamo, as mesmas foram trituradas e pesadas 10,0 g (Figura 1) de cada amostra adicionada a um cartucho de papel filtro em balança analítica, e este foi, posteriormente, submetido à extração do óleo em sistema Soxhlet.

Para a extração do óleo em sistema de refluxo (Figura 2), foi montada uma chapa de aquecimento com um balão contendo, aproximadamente, 200mL de éter de petróleo como solvente acoplado ao extrator Soxhlet e condensador. O sistema foi deixado em refluxo por 08:00h, tempo suficiente para extrair os lipídeos presentes nas sementes. O óleo extraído restante no fundo do balão foi levado para estufa a 80 °C por 12 horas, e então, pesado.

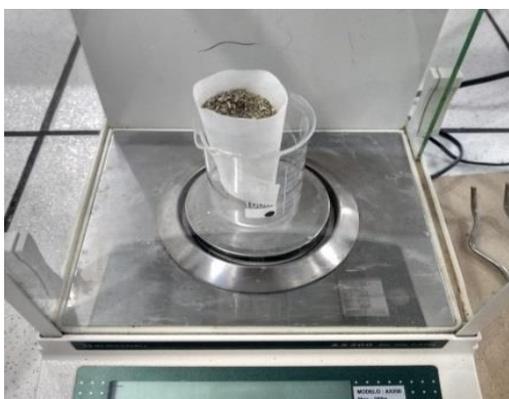


Figura 1 - Pesagem da amostra.



Figura 2 - Sistema de extração Soxhlet.

3.2. Características avaliadas

3.2.1. Teor de óleo

Após extração, as 122 amostras de óleos obtidos, referentes a cada genótipo, foram conduzidas a avaliação do teor de óleo sendo realizada em triplicata para todos os acessos. O teor de óleo de cada genótipo foi obtido a partir da equação 1 (Oliveira, 2003).

O rendimento de cada óleo obtido, foi calculado a partir da equação 1.

$$TO = \frac{M \cdot 100\%}{P}$$

Equação 1:

Onde:

P: Quantidade de matéria-prima utilizada extração;

M_{óleo}: Massa do óleo obtida;

Teor de óleo: Porcentagem de óleo extraído em relação à massa de semente.



Figura 3 – Óleo de cártamo.

3.2.2. Caracterização química do óleo de cártamo

Após extração e avaliação do teor de óleo dos 122 genótipos, todas as amostras de óleo foram conduzidas ao processo de caracterização química, a fim de avaliar as propriedades pertencentes a cada genótipo. Devido à quantidade de óleo obtida, foi realizado um teste a fim de reduzir o valor da amostra de 2,0g para 0,5g nas análises de índice de acidez e de saponificação (Tabela 2), que para comprovar a eficácia do procedimento, as médias dos testes foram submetidas ao teste de desvio padrão, onde foi possível constatar a utilização de 0,5g no processo das análises.

Tabela 2. Desvio padrão das médias de quantidade de amostra para análises de índice de acidez e de saponificação

Análise	2,0g	0,5g	Des. Padrão
I. Acidez	0,43	0,16	0,19
I. Saponificação	8,75	12,28	2,49

Índice de acidez: As análises de índice de acidez (IC) para o óleo extraído das sementes de cártamo serão realizadas de acordo com a metodologia descrita por Moretto e Fett, (1998), onde se pesou 0,5g da amostra em um Erlenmeyer, adicionando-se, em seguida, 25 mL de solução de éter etílico: etanol (2:1) para esse recipiente, agitando-se vigorosamente e adicionando-se, a seguir, duas gotas de solução alcoólica de fenolftaleína a 1%, e, por fim, titulando-se com solução aquosa de hidróxido de sódio 0,1 N até viragem do indicador de incolor para uma tonalidade rósea. O cálculo da acidez é determinado pela equação 2.

$$IA = \frac{V \cdot F \cdot 5,61}{P}$$

Equação 2:

Onde:

IA: é o índice de acidez;

F: é o fator de correção da solução de NaOH;
V: é o volume de NaOH gasto para titular a amostra;
5,61: é o equivalente grama do KOH;
P: é o número de gramas da amostra.



Figura 4 - Análise de índice de acidez.

Índice de iodo: A determinação do índice de iodo foi realizada com a adição de 0,25 g de amostra a um frasco Erlenmeyer de 500 mL com tampa juntamente com 10 mL de tetracloreto de carbono. Com auxílio de bureta, 25 mL de solução de Wijs foi transferida ao frasco Erlenmeyer que contém a amostra. A amostra foi cuidadosamente homogeneizada e ficou em repouso ao abrigo da luz e à temperatura ambiente por 30 minutos. Posteriormente, foi adicionado 10 mL de solução de iodeto de potássio a 15% e 100 mL de água recentemente fervida e fria. A mistura então foi conduzida à titulação com solução tiosulfato de sódio 0,1 M até o aparecimento de uma fraca coloração amarela. Posteriormente, a esta solução, foi adicionado de 1 a 2 mL de solução indicadora de amido 1%. A mistura foi titulada até o completo desaparecimento da cor azul. O mesmo procedimento foi feito para a determinação em branco (Instituto Adolfo Lutz, 2008). O índice de iodo foi calculado a partir da equação 3.

$$II = \frac{(VB - VA) \cdot M \cdot 12,88}{P}$$

Equação 3:

M = molaridade da solução de $\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3$;

V_B = mL gasto na titulação do branco;

V_A = mL gasto na titulação da amostra;

P = nº g da amostra.



Figura 5 - Análise de índice de iodo.

Índice de saponificação: A determinação do índice de saponificação (IS) será realizada de acordo com a metodologia descrita por Moretto e Alves, (1986). Foram pesados 0,5g de óleo em um balão de fundo chato, com adição de 40 mL de uma solução alcoólica de KOH (4%). Após completa homogeneização, a mistura foi aquecida sob refluxo, durante 1 hora para a completa a reação de saponificação. Após a completa saponificação a solução fria foi titulada com ácido clorídrico a 0,5N, utilizando como indicador a fenolftaleína. Foi preparado um branco com todos os reagentes exceto a amostra. O IS de cada óleo foi obtido a partir da equação 4.

$$IS = \frac{(Vb - Va) \cdot F \cdot 28,05}{P}$$

Equação 4:

Onde:

V_a : volume de HCl (0,5 N) gasto na titulação da amostra;

V_b : volume de HCl (0,5 N) gasto na titulação do branco;

F: fator de correção do ácido clorídrico;

28,05: equivalente grama do KOH (56 g / mol);

P: peso da amostra em gramas.



Figura 6 - Processo de saponificação em refluxo.

3.3. Análises estatísticas

3.3.1. Análise de variância univariada

Os dados foram submetidos à análise de variância univariada, considerando o delineamento experimental inteiramente casualizado, com três repetições, sendo o valor de cada observação fornecido pelo modelo estatístico, considerando o efeito de genótipo como fixo.

$$Y_{ij} = m + t_i + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : valor observado na parcela que recebeu o i -ésimo tratamento na j -ésima repetição;

m : média geral;

t_i : efeito do i -ésimo tratamento;

e_{ij} : erro experimental associado a observação Y_{ij} .

3.3.2. Parâmetros genéticos

a) Variância fenotípica

É a razão entre o quadrado médio de genótipos e o número de repetições (r):

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

b) Variância genotípica

Obtida pelo componente quadrático $\hat{\Phi}_g$, que expressa a variabilidade genotípica entre as médias dos genótipos:

$$\hat{\Phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

c) Variância de ambiente

Refere-se ao quadrado médio do resíduo, ou seja, $\sigma^2 = QMR$.

d) Coeficiente de determinação genotípica

É a razão entre o componente quadrático genotípico ($\hat{\Phi}_g$) e a variância fenotípica (σ_f^2) entre médias de genótipos.

$$H^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{QMR/r}$$

e) Coeficiente de variação genotípica

$$CV_g^{\wedge} = \frac{100\sqrt{\Phi_g^{\wedge}}}{m}, \text{ em que } m^{\wedge} \text{ é o estimador da média geral do caráter avaliado.}$$

f) Coeficiente de variação experimental

$$CV_e^{\wedge} = \frac{100\sqrt{QMR}}{m}$$

g) Índice de variação

É a relação entre o coeficiente de variação genotípica (CV_g^{\wedge}) e o coeficiente de variação experimental (CV_e^{\wedge}), dada por:

$$I_v = \frac{CV_g^{\wedge}}{CV_e^{\wedge}} = \sqrt{\frac{\Phi_g^{\wedge}}{QMR}}$$

3.3.3. Agrupamento entre médias

Foi utilizado o teste de Scott-Knott (1974), em nível de significância de 5% de probabilidade, para agrupar as médias entre as colunas.

3.3.4. Análise multivariada

A divergência genética com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$) entre os genótipos, posteriormente, realizando as análises de agrupamento de otimização de Tocher (Rao, 1952), o método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA) e de Variáveis Canônicas.

3.3.5. Distância generalizada de *Mahalanobis* $D_{ii'}^2$

As estimativas da distância generalizada de *Mahalanobis* $D_{ii'}^2$ são obtidas através da expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii'}^2$: é a distância de *Mahalanobis* entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz da variância e covariâncias residuais;

δ : $[d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : é a média do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima variável.

Através da distância de *Mahalanobis* $D_{ii'}^2$ tem-se a possibilidade de estimação da diversidade genética, além da quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística $S_{.j}$. Onde:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=i}^n \sum_{j'=i}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

em que $\omega_{jj'}$ é o elemento da j -ésima linha e j' -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

3.3.6. Análise de agrupamento

O agrupamento dos genótipos foi obtido com o emprego dos métodos de agrupamento de Otimização de Tocher e o método Hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), determinando o coeficiente de correlação cofenética para certificar o ajustamento entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo método UPGMA.

3.3.7. Método de otimização de Tocher

O método de otimização de Tocher foi realizado a partir da matriz de distâncias de *Mahalanobis*. Para a formação do grupo inicial, foi utilizada a menor distância de D_{ii}^2 na matriz de dissimilaridade entre as linhas. A inclusão de novos indivíduos foi baseada no critério de que a distância média intragrupo é inferior às distâncias intergrupos (Cruz e Carneiro, 2003).

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 tem-se:

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

E para determinar a distância média intergrupo temos:

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

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

3.3.8. Método hierárquico de UPGMA

O método de agrupamento hierárquico UPGMA é um método não ponderado, e promove o agrupamento dos genótipos avaliados aos pares por média aritmética, que consiste em atribuir pesos iguais a cada indivíduo do grupo, calculando a similaridade média de um indivíduo que pretende ser juntado ao grupo já existente.

A distribuição dos indivíduos no dendrograma não segue um critério de formação de grupos mutuamente exclusivos, já que a principal característica desse método é a formação de ramificações ou diagramas arborescentes (dendrograma).

Este método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos (Cruz, 2006), onde a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é 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), dado por:

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

e

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

3.3.9. Coeficiente de correlação cofenética

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) mede o grau de ajuste entre a matriz de similaridade original (matriz fenética F) e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz cofenética C), de acordo com a expressão proposta por Bussab et al. (1990).

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

em que:

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

c_{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; e

n = é a dimensão da matriz.

Onde, quanto maior o valor obtido para o CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos. Dendrogramas que apresentam CCC menor que 0,7 indicariam a inadequação do método de agrupamento para resumir a informação do conjunto de dados, sendo esse o critério adotado neste estudo conjuntamente com a representação do dendrograma, para a escolha do melhor método entre as três metodologias utilizadas (Rohlf, 1970).

3.3.10. Variáveis canônicas

Para determinar o número de Variáveis Canônicas, transformando as médias originais dos caracteres, por um processo de condensação pivotal dando origem a novas variáveis, caracterizando por apresentar covariâncias residuais nulas e variâncias residuais igual a 1, determinado por:

Se Y_{ij} é uma Variável Canônica, definida pela combinação linear:

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

a) Se $Y_{ij'}$ é uma Variável Canônica, tem-se uma nova combinação linear então:

$$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in}$$

e

$$\sum_j \sum_{j'} a_j a_{j'} \sigma_{jj'} = \sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 1$$

$$\sum_j \sum_{j'} a_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 0$$

em que $\sigma_{jj'}$ é a covariância residual entre os caracteres j e j' .

b) Entre todas as variáveis canônicas, Y_{i1} apresenta a maior variância, Y_{i2} apresenta a segunda maior, e assim, sucessivamente.

Admitindo que a matriz \mathbf{T} seja a matriz de covariância entre as médias dos genótipos, a matriz \mathbf{E} , seja a matriz da covariância residual, verifica-se que, após a condensação pivotal, as variáveis transformadas apresentam matriz de covariância entre médias dada por \mathbf{T}^* e a matriz de covariâncias residuais igual à identidade ($\mathbf{E}^*=\mathbf{I}$) (Cruz e Carneiro, 2006).

A transformação é obtida por meio de $\mathbf{Z}'=\mathbf{VX}$, em que:

Z: matriz $\mathbf{g} \times \mathbf{n}$ de médias transformadas de \mathbf{g} genótipos em relação aos \mathbf{v} caracteres;

X: matriz $\mathbf{g} \times \mathbf{n}$ de médias originais; e

V: matriz $\mathbf{n} \times \mathbf{n}$ de transformação, obtida pelo processo de condensação pivotal.

As estimativas dos autovalores, que medem a variância de cada variável canônica, são obtidas através de: $\det(T^* - I\lambda) = 0$ que equivalem aos autovalores obtidos de: $\det(E^{-1}T - I\lambda) = 0$.

As estimativas dos autovetores associados às variáveis transformadas por condensação pivotal são obtidas por: $(T^* - I\lambda)\alpha = \phi$ onde α representa o autovetor cujos elementos são coeficientes de ponderação das variáveis obtidas por condensação pivotal.

As estimativas dos coeficientes de ponderação associados às variáveis originais permitem avaliar a contribuição de cada característica para uma determinada Variável Canônica. Estes coeficientes constituem o autovetor a que pode ser obtido de α ou a partir do sistema: $(E^{-1}T - I\lambda)a = \phi$.

A análise gráfica, em estudos de comparação da similaridade entre genótipos, deve ser considerada quando for possível resumir em poucas variáveis (até três) mais de 80% da variação total disponível. Assim, considera-se que:

$$C_1 = \alpha_{11}Z_1 + \alpha_{12}Z_2 + \dots + \alpha_{1n}Z_n = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1n}X_n \dots C_n = \alpha_{n1}Z_1 + \alpha_{n2}Z_2 + \dots + \alpha_{nn}Z_n = a_{n1}X_1 + a_{n2}X_2 + \dots + a_{nn}X_n$$

Em C_1, C_2, \dots, C_n , tem-se:

$$\sum_j \alpha_{jj'}^2 = 1, \text{ para cada } j' = 1, 2, \dots, n;$$

$$\text{e } \sum_j \alpha_{jj'} \alpha_{jj''} = 0, \text{ para qualquer par } j' \text{ e } j'' \text{ de Variáveis Canônicas estimadas.}$$

Estimados os coeficientes $\alpha_{jj'}$, podem ser calculados os coeficientes $a_{jj'}$, associados as variáveis originais, por meio de:

$$[a_{j1} \ a_{j2} \ \dots \ a_{jn}] = [\alpha_{j1} \ \alpha_{j2} \ \dots \ \alpha_{jn}] V.$$

Com a determinação do número de Variáveis Canônicas, envolvendo no mínimo 80% da variação, podem-se estimar os escores relativos às primeiras Variáveis Canônicas, utilizando a dispersão gráfica dos genótipos, permitindo uma análise visual das divergências entre eles.

3.3.11. Importância relativa dos caracteres

O estudo de diversidade genética entre um conjunto de genótipos é feito a partir de um conjunto de informações, onde é necessário avaliar a importância de cada um dos caracteres avaliados, identificando aqueles que menos contribuem (Cruz, 2006).

A Importância Relativa dos Caracteres, avaliados no estudo da diversidade dos genótipos, pode ser quantificada por intermédio das Variáveis Canônicas. Dessa forma, os coeficientes a_j 's devem ser multiplicados pelo desvio padrão do erro experimental, de modo que:

$$\theta_j x_j = a_j \hat{\sigma}_j \left(X_j / \hat{\sigma}_j \right) \text{ onde:}$$
$$\theta_j = a_j \hat{\sigma}_j$$

Portanto, os valores θ_j medem a importância relativa de uma característica em cada Variável Canônica (Cruz e Carneiro, 2006). Com base no princípio de que a importância relativa das Variáveis Canônicas decresce da primeira para a última, a variável com maior coeficiente de ponderação no componente de menor autovalor pode ser descartada, por apresentar relevância para uma Variável Canônica de participação pequena, na variação total (Amaral Junior, 1996).

Para o descarte de novas variáveis, procede-se da seguinte forma: na penúltima Variável Canônica, identifica-se o maior elemento e, caso este esteja associado à característica já descartada, passa-se imediatamente para a antepenúltima Variável Canônica, sem identificar na Variável Canônica anterior uma segunda característica de menor importância.

Caso contrário, identifica-se o maior elemento na penúltima Variável Canônica, e, conseqüentemente, a segunda característica menos importante torna-se definida. Este procedimento continua até alcançar-se a primeira Variável Canônica, classificando-se as características originais quanto aos graus relativos de participação na dispersão geral dos genótipos avaliados (Amaral Junior, 1996).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância univariada

Os valores dos quadrados médios provenientes da análise de variância para quatro variáveis avaliadas são apresentados na Tabela 3; observa-se que houve diferenças significativas há 1% de probabilidade para todas as variáveis avaliadas demonstrando a existência de variabilidade genética entre os genótipos analisados. O coeficiente de variação apresentou amplitude entre 5,66% e 7,77% demonstrando eficiência e alta precisão experimental (Pimentel Gomes, 1985).

Tabela 3. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação (CV) das análises de variância, para quatro variáveis avaliadas, em 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}			
		TO	IA	II	IS
Tratamento	121	113,10**	1,52**	322,97**	508,11**
Resíduo	244	4,50	0,038	70,20	118,55
Média		31,02	2,51	147,90	169,83
CV %		6,83	7,77	5,66	6,41

^{1/}: TO= Teor de óleo; IA= Índice de acidez; II= Índice de iodo; IS= Índice de saponificação. * significativos ao nível de 1 de probabilidade, pelo teste F.

As médias dos 122 genótipos em relação às quatro variáveis avaliadas e o resultado do teste de agrupamento de média Scott Knott são apresentadas na tabela 4, o qual possibilitou a identificação de diferentes grupos para cada uma das variáveis.

Para a variável teor de óleo foi possível identificar a formação de 8 grupos distintos onde, observa-se, uma amplitude de 16,30% (PI 653149) a 45,43% (PI 613419) demonstrando a variabilidade genética para esta variável entre os materiais avaliados.

Tabela 4. Agrupamento das médias dos 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L. pelo método de Scott-Knott, estimado a partir de quatro variáveis.

Ordem	Genótipo	TO	IA	II	IS
1	PI 193473	39,25 b	2,21 f	160,70 a	179,44 b
2	PI 195895	24,81 f	1,65 g	153,67 a	173,26 b
3	PI 237539	24,90 f	1,65 g	155,19 a	173,30 b
4	PI 248385	34,52 c	2,21 f	151,24 a	162,67 c
5	PI 248620	29,34 e	2,21 f	150,40 a	181,38 b
6	PI 248808	36,77 c	2,76 e	154,76 a	180,37 b
7	PI 248828	33,75 c	2,76 e	147,21 a	184,09 a
8	PI 248839	34,65 c	2,76 e	154,35 a	164,79 c
9	PI 248852	38,28 b	1,83 g	150,66 a	167,89 c
10	PI 250083	39,98 b	2,21 f	149,66 a	162,09 c
11	PI 250188	35,20 c	2,21 f	150,64 a	166,26 c
12	PI 250190	27,52 e	2,20 f	145,09 a	134,87 e
13	PI 250203	25,55 f	2,39 f	137,10 a	173,74 b
14	PI 250204	31,09 d	3,30 d	152,38 a	164,46 c
15	PI 250840	40,87 b	3,32 d	143,94 a	159,47 c
16	PI 250922	35,82 c	3,87 c	155,24 a	162,42 c
17	PI 251978	34,42 c	2,39 f	150,15 a	172,26 b
18	PI 253540	33,26 d	3,32 d	150,54 a	185,87 a
19	PI 253899	26,10 f	1,65 g	151,94 a	159,17 c
20	PI 259996	36,45 c	3,50 d	151,60 a	179,61 b
21	PI 259997	18,95 h	2,21 f	150,81 a	175,85 b
22	PI 262443	26,25 f	1,83 g	149,18 a	164,00 c
23	PI 262447	34,26 c	2,76 e	152,17 a	156,40 c
24	PI 262450	34,23 c	2,21 f	155,76 a	168,74 c
25	PI 279344	32,31 d	2,21 f	156,80 a	194,02 a
26	PI 283757	35,65 c	2,21 f	144,08 a	182,16 b
27	PI 304438	42,56 a	1,84 g	151,81 a	178,25 b
28	PI 305161	29,81 e	1,66 g	149,10 a	148,69 d
29	PI 305198	35,87 c	2,21 f	152,33 a	186,44 a
30	PI 305207	35,37 c	1,65 g	143,01 a	166,09 c
31	PI 305209	35,80 c	2,03 f	153,53 a	169,81 c
32	PI 305540	32,32 d	3,32 d	150,89 a	165,14 c
33	PI 306832	33,65 c	1,66 g	152,15 a	155,75 c

Continua...

Tabela 4, cont...

Ordem	Genótipo	TO	IA	II	IS
34	PI 306833	27,19 e	1,65 g	148,95 a	171,33 c
35	PI 306838	24,22 f	1,65 g	148,73 a	170,09 c
36	PI 306844	39,94 b	3,86 c	148,81 a	170,51 c
37	PI 343783	26,16 f	2,21 f	149,70 a	178,30 b
38	PI 343930	31,52 d	2,95 e	151,17 a	154,32 c
39	PI 367833	34,88 c	2,21 f	151,68 a	189,45 a
40	PI 369842	27,96 e	1,65 g	146,53 a	197,18 a
41	PI 369845	41,82 a	4,41 b	99,40 c	167,87 c
42	PI 369849	21,15 g	2,75 e	145,27 a	181,37 b
43	PI 369854	34,26 c	3,31 d	148,95 a	165,95 c
44	PI 392029	28,30 e	2,21 f	135,33 a	167,76 c
45	PI 392030	31,27 d	2,75 e	151,49 a	173,28 b
46	PI 392031	32,21 d	3,32 d	154,77 a	190,39 a
47	PI 393500	22,94 g	2,20 f	150,14 a	164,54 c
48	PI 401474	28,12 e	2,21 f	150,56 a	154,64 c
49	PI 401475	30,58 d	4,98 a	96,74 c	167,82 c
50	PI 401477	16,76 h	2,75 e	112,6 b	146,27 d
51	PI 401480	32,64 d	3,32 d	152,94 a	157,27 c
52	PI 401578	36,03 c	3,31 d	152,92 a	163,32 c
53	PI 401589	19,69 h	1,65 g	148,52 a	168,41 c
54	PI 405955	37,86 b	2,21 f	148,49 a	158,77 c
55	PI 405961	21,10 g	2,74 e	162,35 a	145,48 d
56	PI 405965	36,54 c	3,32 d	151,57 a	176,03 b
57	PI 405970	35,92 c	2,21 f	154,87 a	173,17 b
58	PI 405975	40,44 b	1,66 g	151,62 a	167,88 c
59	PI 406006	42,31 a	2,21 f	156,21 a	164,23 c
60	PI 406007	25,92 f	2,14 f	148,68 a	168,37 c
61	PI 406015	25,91 f	1,65 g	154,17 a	171,06 c
62	PI 407606	32,88 d	2,20 f	149,03 a	165,95 c
63	PI 407613	24,48 f	2,20 f	151,71 a	157,89 c
64	PI 451954	34,99 c	2,76 e	147,42 a	167,84 c
65	PI 451956	33,38 d	2,76 e	150,59 a	197,71 a
66	PI 506426	23,70 f	2,21 f	150,47 a	167,30 c
67	PI 508068	28,57 e	1,84 g	150,48 a	167,79 c
68	PI 514625	38,82 b	1,65 g	151,66 a	170,23 c

Continua...

Tabela 4, cont...

Ordem	Genótipo	TO	IA	II	IS
69	PI 525457	37,13 b	2,21 f	147,09 a	163,19 c
70	PI 537658	27,39 e	2,19 f	143,18 a	169,97 c
71	PI 537673	26,28 f	2,76 e	148,67 a	177,97 b
72	PI 537680	24,13 f	1,65 g	149,80 a	154,36 c
73	PI 537682	27,90 e	2,20 f	145,27 a	172,53 b
74	PI 537684	32,57 d	1,66 g	154,64 a	172,40 b
75	PI 537697	21,90 g	1,66 g	148,09 a	159,72 c
76	PI 537712	30,60 d	2,76 e	151,42 a	171,90 c
77	PI 544002	23,39 g	2,76 e	149,75 a	162,09 c
78	PI 544013	24,71 f	2,39 f	154,56 a	163,65 c
79	PI 544028	29,94 e	1,66 g	149,21 a	129,07 e
80	PI 544030	27,37 e	2,21 f	151,49 a	186,82 a
81	PI 544031	32,79 d	2,21 f	152,04 a	191,29 a
82	PI 544036	32,01 d	3,31 d	135,26 a	188,75 a
83	PI 544038	21,35 g	3,31 d	147,81 a	161,66 c
84	PI 544043	37,61 b	2,76 e	150,25 a	181,02 b
85	PI 560178	43,68 a	3,86 c	120,81 b	170,58 c
86	PI 532639	32,56 d	4,42 b	150,11 a	170,24 c
87	PI 568787	31,89 d	4,05 c	140,95 a	188,64 a
88	PI 568792	34,23 c	2,76 e	151,15 a	159,71 c
89	PI 568795	34,57 c	2,21 f	156,56 a	169,62 c
90	PI 568798	20,36 g	2,02 f	154,08 a	175,92 b
91	PI 568836	25,14 f	3,11 d	148,78 a	166,11 c
92	PI 568866	30,84 d	2,76 e	151,84 a	185,94 a
93	PI 568870	30,68 d	2,95 e	137,00 a	170,61 c
94	PI 568876	24,16 f	1,66 g	105,69 c	122,91 e
95	PI 572431	33,98 c	2,21 f	141,25 a	159,85 c
96	PI 572439	31,12 d	3,31 d	150,57 a	179,61 b
97	PI 572450	27,67 e	2,57 f	149,10 a	181,12 b
98	PI 572464	30,32 d	1,65 g	151,91 a	162,41 c
99	PI 572544	33,21 d	2,75 e	149,22 a	175,11 b
100	PI 576981	43,43 a	2,20 f	160,80 a	175,96 b
101	PI 576985	28,06 e	2,01 f	151,17 a	171,39 c
102	PI 613357	19,50 h	1,82 g	148,56 a	200,32 a
103	PI 613361	33,35 d	1,65 g	152,98 a	159,76 c

Continua...

Tabela 4, cont...

Ordem	Genótipo	TO	IA	II	IS
104	PI 613366	25,50 f	2,20 f	153,94 a	162,53 c
105	PI 613373	22,52 g	1,65 g	146,97 a	158,75 c
106	PI 613380	25,14 f	2,58 f	150,56 a	170,54 c
107	PI 613382	33,87 c	2,76 e	154,44 a	165,17 c
108	PI 613384	22,10 g	2,76 e	141,05 a	154,33 c
109	PI 613394	33,08 d	2,21 f	146,58 a	182,62 b
110	PI 613404	32,21 d	3,31 d	153,26 a	178,75 b
111	PI 613409	34,57 c	3,87 c	151,38 a	168,69 c
112	PI 613415	35,96 c	2,39 f	151,48 a	186,81 a
113	PI 613419	45,43 a	2,39 f	151,20 a	159,39 c
114	PI 613422	37,4 b	3,32 d	131,18 a	179,54 b
115	PI 613456	24,07 f	2,76 e	143,70 a	159,45 c
116	PI 613503	29,74 e	3,87 c	142,62 a	184,87 a
117	PI 613519	28,12 e	1,66 g	148,12 a	156,73 c
118	PI 638543	35,07 c	3,32 d	126,84 b	186,80 a
119	PI 653143	36,38 c	1,65 g	149,20 a	172,94 b
120	PI 653149	16,30 h	2,74 e	148,68 a	175,95 b
121	PI 653162	31,22 d	3,32 d	158,27 a	167,81 c
122	PI 653186	33,81 c	2,76 e	152,31 a	188,58 a

Nota¹: TO= Teor de óleo; IA= Índice de acidez; II= Índice de iodo; IS= Índice de saponificação.

O teor de óleo das sementes é umas das características mais importantes a serem selecionadas no melhoramento de uma espécie oleaginosa, sendo o óleo o produto principal e de maior interesse econômico (Vorpsi et al., 2010; Evaristo et al., 2017).

O grupo I apresenta os acessos que obtiveram os maiores teores de óleo, os genótipos PI 613419, PI 560178, PI 576981, PI 304438, PI 406006 e PI 369845 com respectivos valores de 45,43; 43,68; 43,26; 42,56; 42,31 e 41,82%. Para o grupo II, onze genótipos apresentam amplitudes entre 37,13 (PI 451954) e 40,87% (PI 250840). O grupo III foi o que agrupou o maior número de genótipos, trinta no total onde as médias variam entre 33,65 e 36,77%. Para o grupo IV observa-se o agrupamento de vinte e seis genótipos com uma amplitude entre 30,32 e 33,38% de

óleo. Grupo V, com dezesseis genótipos, onde as médias variam entre 27,19 a 29,81%.

E, com uma amplitude de 23,70 a 26,28%, o grupo VI foi composto por dezenove genótipos, o grupo VII, com nove, e o grupo VIII com as menores médias e o menor agrupamento apresentado, contendo cinco dos 122 genótipos avaliados. Os resultados obtidos para teor de óleo do cártamo são semelhantes e superiores a valores de teor de óleo de outras culturas de grande importância econômica, como a soja que varia entre 20,70 e 26,70% que, atualmente, é a principal matéria-prima utilizada nas indústrias de óleo no Brasil (Faria et al., 2018).

Os resultados para teor de óleo obtidos nesse trabalho são semelhantes aos encontrados por Vorpsi et al. (2010) que avaliaram três cultivares de cártamo na Albânia e obtiveram os seguintes valores para variável teor de óleo 33,40; 32,96 e 31, 26% de óleo. Yeilaghi et al. (2012) avaliaram o teor e óleo em sessenta e quatro genótipos de cártamo sob condições normais e condições de estresse de salinidade, onde os valores encontrados para condições normais variaram de 23,40% a 35,50%, Ny et al. (2015) encontraram 36,00, 41,00 e 38,00% e são superiores aos de Zanão Junior et al. (2017) que, em estudo realizado na região oeste do estado do Paraná, avaliou o teor de óleo nas sementes de 18 genótipos de cártamo, e encontrou médias entre de 23,10 a 29,40%.

Foram formados 7 grupos para índice de acidez, onde apenas os grupos I composto por um genótipo PI 401475 com média de 4,98 mgKOH/g e o grupo II com dois genótipos, o PI 532639 (4,42 mgKOH/g) e o PI 369845 4 (4,41 mgKOH/g) excedem o limite aceitável de até 4mgKOH/g para comercialização de óleo bruto estabelecido pela Codex Alimentarius, (2015). O alto valor de acidez em um óleo pode ser influenciado por fatores como estocagem, ação enzimática, maturação e qualidade dos grãos, sementes e processo de extração do óleo (mecânica e/ou solvente) (Cardoso et al., 2010). É importante ressaltar que os genótipos aqui identificados com valores fora do parâmetro estabelecido também se mostram ineficientes para as variáveis de índice de iodo e índice de saponificação.

No entanto, os demais grupos apresentam valores médios dentro do limite aceitável, indicando 119 genótipos com valor de índice de acidez abaixo de 4,00 mgKOH/g. Esses valores são semelhantes aos obtidos por Correia et al. (2014), que

avaliaram o índice de acidez do óleo bruto de girassol e obtive como resultado a média de 3,09 mgKOH/g.

Esses resultados, segundo Oliveira et al., (2013) demonstram que não ocorreram hidrólise e oxidação dos lipídeos durante a produção e armazenamento. O índice de acidez é um dos principais parâmetros a ser observado no comércio de óleo, por está intimamente relacionado com a qualidade da matéria-prima onde óleos que apresentam alto valores de acidez podem acarretar em custos para as indústrias em qualquer tipo de uso (Instituto Adolfo Lutz, 2008).

As melhores médias com valores inferiores a 2,0 mgKOH/g foram apresentadas pelo grupo VII, composto por vinte e oito genótipos (PI 304438, PI 508068, PI 262443, PI 248852, PI 613357, PI 305161, PI 613519, PI 306832, PI 568876, PI 537684, PI 405975, PI 544028, PI 537697, PI 653143, PI 306833, PI 237539, PI 253899, PI 572464, PI 613373, PI 514625, PI 306838, PI 537680, PI 401589, PI 305207, PI 406015, PI 195895, PI 613361 e PI 369842).

Com amplitude entre 96,74 (401475) e 165,35 (405961) foram formados apenas três grupos para variável índice de iodo. Observa-se que o grupo I apresentou amplitude de 131,18 (613422) à 162,35 (405961), onde os genótipos PI 306833, PI 369854, PI 306844, PI 568836, PI 306838, PI 406007, PI 653149, PI 537673, PI 613357, PI 401589, PI 405955, PI 613519, PI 537697, PI 544038, PI 451954, PI 248828, PI 525457, PI 613373, PI 613394, PI 369842, PI 537682, PI 369849, PI 250190, PI 283757, PI 250840, PI 613456, PI 537658, PI 305207, PI 613503, PI 572431, PI 613384, PI 568787, PI 250203 e PI 568870 atendem os limites especificados pela Codex Alimentarius (2015), que determina o valor de índice de iodo entre 136 a 148 para o óleo de cártamo.

Os grupos II e III agruparam apenas três genótipos cada, os acessos PI 638543, PI 560178 e PI 401477 com as médias 126,84; 120,81 e 112,67 respectivamente para o grupo II e PI 568876, PI 369845 e PI 401475 (105,69; 99,40 e 96,74 respectivamente) para grupo III.

Quanto à variável índice de saponificação, foi possível identificar a formação de cinco grupos, onde os genótipos PI 451956, PI 369842, PI 279344, PI 544031, PI 392031, PI 367833, PI 544036, PI 568787, PI 653186, PI 544030, PI 613415, PI 638543 e PI 305198 do grupo I, destacam-se por apresentarem valores dentro do

parâmetro definido nas normas de padrão internacional de 186 a 198 (Codex, 2015), estabelecido para a cultura do cártamo. O grupo II, com trinta genótipos, teve amplitude de 172,26 (PI 251978) a 182,62 (PI 653143), grupo III, com amplitudes entre 154,32 (PI 306844) e 171,90 (PI 537712), e os grupos IV e V com apenas três genótipos cada e as menores médias identificadas.

Os resultados encontrados para as variáveis índice de iodo e saponificação são semelhantes aos encontrados por Ny et al. (2015) que avaliou as características químicas do óleo de três variedades de cártamo e encontrou valores entre 143,00 e 147,00 para índice de iodo e 211,50 a 218,40 para a variável índice de saponificação. Katkade et al. (2018) avaliaram a qualidade do óleo de cártamo e encontrou o valor de 142,30 para iodo e 162,69 para saponificação.

Salgado et al. (2008) relatam em seus estudos que os índices de iodo e saponificação variam de acordo com as cultivares e dentro de uma mesma variedade também são influenciados pelas localidades de cultura e pelas condições climáticas do ano agrícola. Por isso, essa diferença pode ser explicada pela utilização de acessos com diferentes localidades.

As variáveis índice de acidez, iodo e saponificação informam qualidade e a vida útil dos óleos que, assim, desempenham um papel importante na indústria, indicando prever possíveis gastos em processo de refino de óleo.

4.2. Parâmetros genéticos

Os resultados das estimativas para os parâmetros genéticos de herdabilidade e a relação entre os coeficientes de variação fenotípica, genotípica e ambiental para as variáveis TO, IA, II e IS estão na tabela 5.

Verifica-se uma condição favorável à seleção para as características teor de óleo e índice de acidez, por apresentarem ampla variabilidade genotípica ($\hat{\Phi}_g$), com valores para herdabilidade (H^2) de 96,01% e 97,49% respectivamente, e uma menor influência ambiental, isto reflete considerável presença do componente genético na expressão desta variável.

Tabela 5. Estimativas das variâncias fenotípica (σ_F^2), genotípica (σ_e^2) e de ambiente (Φ_g^2), herdabilidade no sentido amplo (H^2) e índice de variação (Iv) para as quatro variáveis avaliadas em 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

Características	σ_F^2	σ_e^2	Φ_g^2	H^2	Iv
TO	37,70	1,50	36,19	96,01	19,39
IA	0,50	0,01	0,49	97,49	27,99
II	107,65	23,40	84,25	78,26	6,20
IS	169,37	39,51	129,85	76,66	6,70

TO = Teor de óleo; IA= Índice de acidez; II= Índice de iodo; IS= Índice de saponificação.

O resultado de herdabilidade (H^2) obtido neste trabalho para variável teor de óleo foi superior ao encontrado por Zoz, (2015) que avaliou em 12 genótipos de cártamo e encontrou o valor de 90,66% e o encontrado por Shivani et al. (2010), que obteve 55,90%.

Segundo Gerhardt (2014), quanto mais próximo dos 100% forem os valores de herdabilidade, maiores serão os ganhos genéticos nas próximas seleções, o que permite predizer que o acréscimo na média dos caracteres avaliados nos genótipos selecionados serão próximos aos diferenciais de seleção, e que, naturalmente, será decrescido à medida que a variabilidade for reduzindo.

Os parâmetros índice de iodo e saponificação apresentaram valores de variação ambiental (σ_e^2) 23,40 e 39,51 respectivamente, porém, demonstram a possibilidade de ganhos genéticos por apresentarem valores superiores para a variância fenotípica (σ_f^2) de 107,65 e 169,37 e de 76,66 e 78,26% para a herdabilidade (H^2), respectivamente.

Os resultados para variância genotípica, fenotípica e de herdabilidade deste trabalho, são superiores aos encontrados por Olivo, (2017) para a variável teor de óleo, que avaliou os parâmetros genéticos em 10 combinações em dialelo completo sem recíprocos, em F2 de cártamo.

O Índice de Variação apresentou estimativas altas para todas variáveis analisadas, indicando condições favoráveis para o processo de seleção, em concordância com os maiores valores de herdabilidade para TO e IA. De modo geral, observa-se variabilidade genética entre os genótipos de cártamo avaliados, indicando possibilidade de êxito na seleção futura dessas variáveis.

4.3. Análise multivariada

4.3.1. Distância generalizada de *Mahalanobis*

Através das medidas de dissimilaridade genética estimada a partir da Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$) em relação às quatro características avaliadas, pode-se verificar que as magnitudes variaram de 0,04 a 946,00, indicando a presença de diversidade genética entre os 122 genótipos avaliados. Segundo Silva et al. (2012), as informações sobre dissimilaridade genética possibilitam prever os possíveis cruzamentos controlados que possam gerar materiais genéticos superiores.

A maior distância encontrada foi entre os genótipos PI 369845 e PI 401589 com valor de dissimilaridade de $D_{ii'}^2 = 946,00$, indicando ser o cruzamento mais promissor com base na divergência genética onde se busca a máxima heterose. Observando as variáveis avaliadas é possível identificar que o genótipo PI 369845 obteve alto valor para TO, enquanto que o genótipo PI 401589 obteve melhor resultado para variáveis IA e II, comprovando que um cruzamento entre esses indivíduos pode resultar em um material com melhor teor e qualidade de óleo.

Na escolha de genitores para cruzamentos, deve-se considerar se os mesmos apresentam bom rendimento em relação às características de maior interesse, pois as combinações híbridas recomendadas para uso em programas de melhoramento devem envolver, na medida do possível, genitores dissimilares e com desempenho superior (Silva et al., 2012; Silva et al., 2015).

Assim, segundo Borges et al. (2010), as dissimilaridades podem ser utilizadas em esquemas de seleção, com o objetivo de incorporar as características

favoráveis em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens, a partir desses genótipos, disponibilizando maior variabilidade no melhoramento genético da cultura estudada.

Entretanto, a menor divergência foi observada entre os pares PI 262450 e PI 568795 com valor de dissimilaridade de $D_{ii'}^2 = 0,04$, sendo os genótipos mais similares entre os demais materiais, apresentando resultados semelhantes para todas as características avaliadas.

4.3.2. Análise de grupamento pelo Tocher e UPGMA

Na tabela 6, apresenta-se o agrupamento dos acessos de cártamo pelo Método de Tocher, utilizando-se como medida de dissimilaridade a Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$) com a formação de seis grupos distintos. O princípio deste método é manter a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre eles (Atole et al., 2018).

O grupo I apresentou maior número de componentes, o total de 97 genótipos de 21 localidades diferentes onde o maior número de genótipos tem o EUA como país de origem, esses genótipos se destacam por apresentar melhores valores de acidez, e corresponde a 79,51% dos acessos avaliados.

Tabela 6. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre os 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

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

^{1/}: 1- PI193473, 2- PI195895, 3- PI237539, 4- PI248385, 5- PI248620, 6- PI248808, 7- PI248828, 8- PI248839, 9- PI248852, 10- PI250083, 11- PI250188, 12- PI250190, 13- PI250203, 14- PI250204, 15- PI250840, 16- PI250922, 17- PI251978, 18- PI253540, 19- PI253899, 20- PI259996, 21- PI259997, 22- PI262443, 23- PI262447, 24- PI262450, 25- PI279344, 26- PI283757, 27- PI304438, 28- PI305161, 29- PI305198, 30- PI305207, 31- PI305209, 32- PI305540, 33- PI306832, 34- PI306833, 35- PI306838, 36- PI306844, 37- PI343783, 38- PI343930, 39- PI367833, 40- PI369842, 41- PI369845, 42- PI369849, 43- PI369854, 44- PI392029, 45- PI392030, 46- PI392031, 47- PI393500, 48- PI401474, 49- PI401475, 50- PI401477, 51- PI401480, 52- PI401578, 53- PI401589, 54- PI405955, 55- PI405961, 56- PI405965, 57- PI405970, 58- PI405975, 59- PI406006, 60- PI406007, 61- PI406015, 62- PI407606, 63- PI407613, 64- PI451954, 65- PI451956, 66- PI506426, 67- PI508068, 68- PI514625, 69- PI525457, 70- PI537658, 71- PI537673, 72- PI537680, 73- PI537682, 74- PI537684, 75- PI537697, 76- PI537712, 77- PI544002, 78- PI544013, 79- PI544028, 80- PI544030, 81- PI544031, 82- PI544036, 83- PI544038, 84- PI544043, 85- PI560178, 86- PI532639, 87- PI568787, 88- PI568792, 89- PI568795, 90- PI568798, 91- PI568836, 92- PI568866, 93- PI568870, 94- PI568876, 95- PI572431, 96- PI572439, 97- PI572450, 98- PI572464, 99- PI572544, 100- PI576981, 101- PI576985, 102- PI613357, 103- PI613361, 104- PI613366, 105- PI613373, 106- PI613380, 107- PI613382, 108- PI613384, 109- PI613394, 110- PI613404, 111- PI613409, 112- PI613415, 113- PI613419, 114- PI613422, 115- PI613456, 116- PI613503, 117- PI613519, 118- PI638543, 119- PI653143, 120- PI653149, 121- PI653162 e 122- PI653186.

O grupo II, composto por 4,92%, alocou seis genótipos, sendo quatro deles pertencentes ao Iran (59, 58, 27 e 15), o genótipo 100 da China e 113 do EUA, com os melhores teores de óleo encontrado. Os Grupos III e IV foram formados com oito genótipos cada (6,56%), onde o grupo III é representado por dois genótipos da Índia (36 e 86), um da China (87), três dos EUA (111, 114 e 116) e um do Canadá (118). Já o grupo IV, com três genótipos da China (83, 90 e 120) e os demais sendo cada um de uma localidade. O grupo V apresentou formação com somente dois acessos 1,64%, os genótipos 41 e 85 com país de origem Tajaquistão e EUA, respectivamente.

O grupo VI mostrou-se menos expressivo, foi formado por apenas um genótipo (0,81%) de Bangladesh, sugerindo o material 49 ser o mais divergente do total avaliado. De acordo com Benitez et al. (2011), a ocorrência de grupos com apenas um genótipo evidencia ampla divergência, pois os genótipos em grupos unitários são mais dissimilares em relação ao conjunto.

Resultados semelhantes foram encontrados por Shivani e Sreelakshmi (2013), onde estudando a diversidade genética entre 90 genótipos de cártamo distribuídos em 12 grupos, puderam observar que a distribuição dos genótipos em diferentes grupos foi aleatória e nenhuma relação foi observada entre origem geográfica, pois os genótipos desenvolvidos a partir de diferentes regiões foram incluídos em um mesmo grupo.

Atole et al. (2018), em sua pesquisa para estimar a diversidade genética de 155 genótipos de cártamo, encontrou ampla variabilidade genética, onde estes foram distribuídos em 11 grupos pelo método de agrupamento Tocher.

Tayade et al. (2015) avaliaram 155 genótipos de cártamo, sendo 5 destes variedades, para estimar a diversidade genética entre eles e encontrou variabilidade genética, onde foram agrupados em 14 grupos distintos em que os indivíduos eram de diferentes localidades, sendo o IV grupo representado pelo maior número de genótipos, no total 45.

Shivani et al. (2011) estimaram a diversidade genética em 75 genótipos de cártamo através da distância de *Mahalanobis*, onde o método de agrupamento Tocher alocou os 75 genótipos em doze grupos; os autores ainda indicam que a

seleção de variedades deve ser mais dependente da diversidade genética do que a diversidade geográfica.

Os resultados apresentados pelo método de Tocher são concordantes com os da Distância Generalizada de *Mahalanobis* (D_{ii}^2), tendo em vista que os indivíduos mais dissimilares pela matriz de dissimilaridade estão alocados em grupos distintos onde o genótipo 41 está alocado no grupo V e o 53 no grupo IV; já os genótipos que apresentaram maior semelhança, 24 e 89 foram agrupados no mesmo grupo.

A partir do método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 7). A maior distância intragrupos foi observada para no grupo IV (63,29), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no grupo V (39,66). Para o grupo VI não foi possível estimar as distâncias intragrupos, por ser constituído de apenas um único genótipo. Foi possível observar que as distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos, atendendo ao critério estabelecido para o método de otimização de Tocher (Cruz e Carneiro, 2003).

Tabela 7. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

	I	II	III	IV	V	VI
I	57,50	132,41	149,68	137,91	441,49	548,82
II	-	40,65	211,09	381,80	323,22	616,62
III	-	-	47,56	251,13	192,07	199,53
IV	-	-	-	63,29	725,07	656,56
V	-	-	-	-	39,66	142,56
VI	-	-	-	-	-	-

A combinação de genótipos que são representados por diferentes grupos apresenta maior diversidade, enquanto que genótipos alocados em um mesmo grupo é homogêneo, indicando que os genótipos de diferentes grupos são mais indicados para seleção e utilização em programas de hibridação de acordo com o objetivo do pesquisador (Shivani et al., 2011).

As maiores distâncias intergrupos foram observadas entre os grupos IV e V (725,07), e a segunda maior entre os grupos IV e VI (656,56) apresentando maior divergência genética, sugerindo serem as melhores combinações para um possível cruzamento entre os genótipos desses grupos, pois genótipos alocados em diferentes grupos, quando cruzados, podem resultar em altas combinações heteróticas para as características de interesse (Shivani e Sreelakshmi, 2013). Já a distância intergrupo de menor proporção foi observada entre os grupos I e II (132,41), seguida pelos grupos I e IV (137,91).

Pushpavalli et al. (2015) avaliaram a diversidade genética com a utilização de caracteres agronômicos entre 20 genótipos de cártamo, e observaram que a maior distância média intragrupo foi observada no Grupo III (5,74), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada nos Grupos II (3,94). A maior distância intergrupos foi obtida entre os grupos V e VII (10,83) e a de menor distância foi observada entre os grupos IV e V (4,76).

Com base no método de agrupamento UPGMA submetido a um corte significativo de 23% de distância genética, possibilitou a divisão dos genótipos em cinco grupos distintos (Figura 7). Através do coeficiente de correlação cofenética (CCC), observa-se para o dendrograma (Figura 7) um CCC de 0,76, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo UPGMA, reproduzindo de maneira satisfatória a informação contida na matriz, e conseqüentemente na formação do agrupamento, que de acordo com Rohlf (1970) para o ajuste do coeficiente de correlação cofenética ser considerado bom, é necessário ser maior ou igual a 0,70.

Dentre os grupos formados pelo dendrograma, o grupo I é constituído por 53 indivíduos (24, 89, 62, 11, 57, 4, 17, 95, 1, 31, 25, 81, 29, 39, 112, 109, 26, 45, 76, 92, 7, 122, 99, 65, 44, 6, 64, 84, 8, 88, 23, 107, 38, 94, 98, 117, 28, 33, 103, 74, 79, 59, 100, 54, 69, 10, 58, 68, 30, 119, 9, 27 e 113) com maior número de genótipos com valores de índice de iodo dentro do padrão de comercialização e os oito melhores teor de óleo observado.

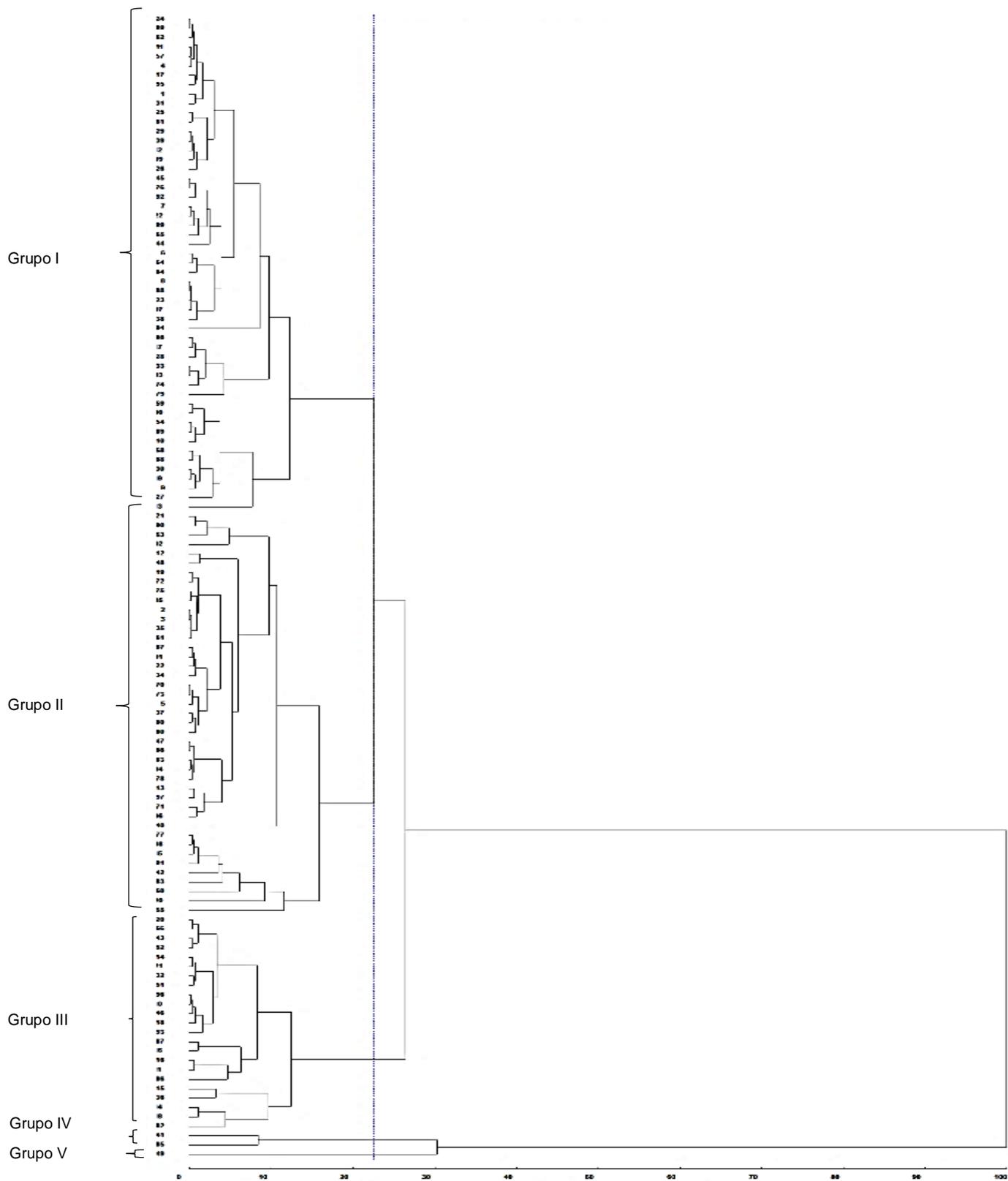


Figura 7 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L obtido pelo método UPGMA com base em 4 variáveis analisadas.

O grupo II, composto por 43 genótipos (21, 90, 53, 102, 12, 48, 19, 72, 75, 105, 2, 3, 35, 61, 67, 101, 22, 34, 70, 73, 5, 37, 80, 60, 47, 66, 63, 104, 78, 13, 97, 71, 106, 40, 77, 108, 115, 91, 42, 83, 50, 120 e 55), apresenta o maior número de genótipos que se destacam para a análise de índice de acidez, e o grupo III, formado por 23 genótipos (20, 56, 43, 52, 14, 121, 32, 51, 96, 110, 46, 18, 93, 87, 116, 16, 111, 86, 15, 36, 114, 118 e 82) dos 122 genótipos analisados, que se destacam para índice de saponificação.

Já os grupos IV, com dois genótipos (41 e 85), e V, formado por apenas um (49), apresentaram os genótipos com alto valor para teor de óleo. Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos; no entanto, a composição destes foi um pouco diferente do método Tocher.

A diferença nos agrupamentos formados pelos dois métodos é que os genótipos do grupo I, formados pelo método Tocher, passaram a incorporar os grupos II e III do método UPGMA. No entanto, os métodos mantiveram os genótipos 41 e 85 alocados no mesmo grupo, e o genótipo 49, manteve-se sozinho. As diferenças existentes entre o método de Tocher e UPGMA são em função da forma como cada método faz o cálculo da variabilidade genética (Buttow et al., 2010).

Segundo Simon et al. (2012), a dissimilaridade entre genótipos estabelecida pelo método UPGMA constitui uma ferramenta, que associada com o método de otimização de Tocher, confere maior segurança em discriminar os diferentes genótipos avaliados à divergência genética.

O método UPGMA está em concordância com o método Tocher em que os agrupamentos não tem relação com a origem geográfica, já que em todos os grupos de ambos os métodos os genótipos possuem origem diferentes.

Resultados semelhantes foram encontrados por Elfadl et al. (2010), que avaliaram a divergência genética entre 467 acessos de cártamo e observaram que a distribuição dos genótipos no dendrograma não teve relação com a localização geográfica dos genótipos avaliados.

4.4. Representação gráfica tridimensional

Através da dispersão gráfica disposta no espaço tridimensional (Figura 8), é possível verificar a distribuição dos seis grupos, onde os genótipos similares foram ordenados em grupos semelhantes, e os mais divergentes em grupos diferentes indicando divergência genética entre os 122 genótipos de cártamo. A projeção 3D obteve uma correlação de 0,99 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.

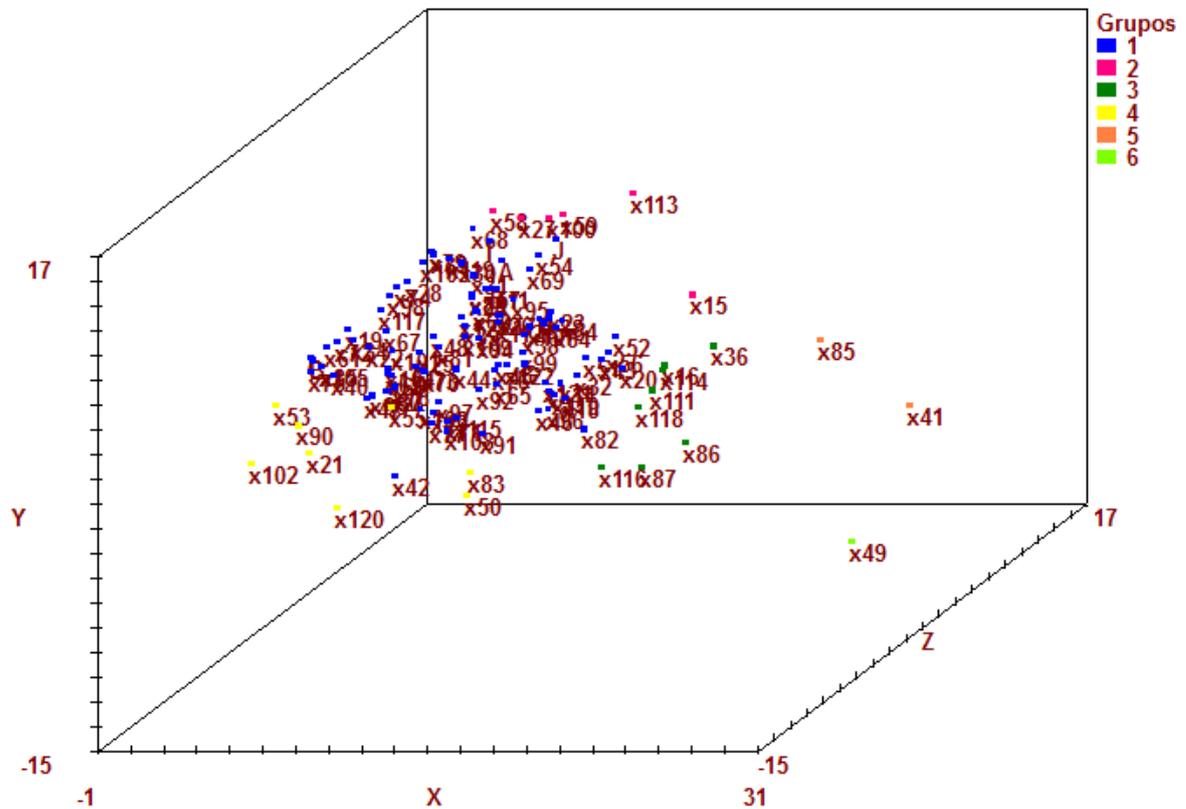


Figura 8. Representação da dispersão tridimensional com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* entre os 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

A utilização destas técnicas em estudos sobre divergência genética consiste em resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes, o que

significa ter boa aproximação do comportamento dos indivíduos, em um espaço bi ou tridimensional, de fácil interpretação geométrica (Cruz e Regazzi, 1997).

Analisando a formação dos grupos, observa-se concordância com os agrupamentos anteriores, a distribuição dos genótipos e a quantidades de grupos formados por meio da dispersão gráfica dos escores foram idênticos aos formados pelo Método de Tocher (Tabela 4) e semelhantes aos grupos formados nas análises de agrupamento, utilizando o método hierárquico (UPGMA) (Figura 7).

4.5. Variáveis canônicas

As estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes as Variáveis Canônicas (VC_i), as variâncias percentuais e acumuladas e os coeficientes de ponderação (Autovetores) associados as variáveis originais são apresentados na tabela 8.

Dentre as quatro variáveis canônicas, observaram-se que as duas primeiras variáveis explicam acima de 80,00% da variação total. As duas primeiras variáveis canônicas explicam cerca de 90,87% da variação, sendo 51,74% para a primeira e 39,13% para a segunda, as quais foram utilizadas para indicar os caracteres de maior importância. De acordo com Cruz (1990), este resultado indica a existência da divergência genética entre os materiais, onde pelo menos um genótipo dos 122 em estudo, apresenta divergência genética entre as demais.

Tabela 8. Estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes às percentagens de variação, explicada pelas variáveis canônicas (VC_i), e coeficiente de ponderação (autovetores) de quatro características, avaliadas em 122 genótipos de cártamo.

VC _i	Autovalores		Autovetores associados ^{1/}			
	λ_i	Acum. (%)	TO	IA	II	IS
VC ₁	51,74	51,74	-0,517	-3,872	0,171	0,007
VC ₂	39,13	90,87	-0,621	5,211	0,038	0,006
VC ₃	7,52	98,40	-0,042	-1,377	-0,144	0,141
VC ₄	1,59	100,0	0,009	0,413	0,068	0,038

TO = Teor de óleo; IA = Índice de acidez; II = Índice de iodo; IS = Índice de saponificação.

Ferreira et al (2015), avaliaram 18 genótipos de algodoeiro através de sete características, onde as duas primeiras variáveis canônicas representaram 91,95% da variação entre os genótipos avaliados. Estudos realizados por Guedes et al (2013) para identificar a divergência genética entre 12 genótipos de cafeeiros, mostraram em seus resultados que as três primeiras variáveis canônicas foram suficientes para explicar mais de 90,00% da variância total contida no conjunto total das características analisadas, o que foi possível explicar a variabilidade manifestada entre os acessos analisados.

4.6. Importância relativa dos caracteres

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética segundo o método de Singh (1981) indicou que as variáveis TO (43,38%) e IA (40,57%) foram as que mais contribuíram para a divergência total entre os 122 genótipos de cártamo avaliado (Tabela 9).

Tabela 9. Contribuição relativa de 4 características avaliadas para a divergência genética entre os 122 genótipos de *Carthamus tinctorius* L.

Características Avaliadas ¹	S. j	Contribuição (%)
TO	340365,03	43,38
IA	318339,20	40,57
II	84508,71	10,77
IS	41383,73	5,27

TO= Teor de óleo; IA= Índice de acidez; II= Índice de iodo; IS= Índice de saponificação.

De acordo com Cruz et al. (2012), a importância relativa dos caracteres na divergência genética tem por objetivo principal identificar os caracteres com menor importância para a divergência genética entre os genótipos em estudo. A característica IS apresentou a menor porcentagem de 5,27%, sendo que esta não apresenta grande importância para os genótipos avaliados neste estudo.

Estes resultados evidenciam a importância do teor de óleo e índice de acidez na discriminação dos genótipos, são consideradas variáveis relevantes para

a discriminação dos acessos avaliados neste germoplasma indicando que o teor de óleo e índice de acidez não devem ser descartados de futuras avaliações. O conhecimento da importância relativa dos caracteres avaliados para a divergência genética possibilita o descarte das características de pouca contribuição, reduzindo mão-de-obra, tempo e custos despendidos na experimentação (Cruz, 1990).

Poletine et al (2012) investigaram a importância de sete variáveis e entre elas o teor de óleo, para estimar a diversidade genética em 16 genótipos de girassol, que apresentou uma menor contribuição comparado as demais.

Entretanto, estudo para estimar a divergência genética entre 49 genótipos de soja realizado por Bekele et al. (2012) mostrou que a variável teor de óleo foi a segunda característica que mais contribuiu para diversidade entre os acessos avaliados.

Deste modo, para selecionar genótipos divergentes em futuros cruzamentos, deve se considerar como características importantes o teor de óleo e índice de acidez de acordo com os resultados obtidos à contribuição relativa dos caracteres.

5. CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética entre os genótipos de cártamo para as características de análises químicas e teor de óleo analisados.

Os materiais que mais se destacam para as quatro variáveis analisadas foram os genótipos: 113, 85, 100, 27, 59, 41, 15, 30, 61, 2, 103, 40, 53, 93, 13, 87, 108, 95, 116, 29, 118, 112, 80, 122 e 87.

A maior distância de dissimilaridade $D^2= 960,00$ foi encontrada entre os genótipos PI 369845 e PI 401589, e a menor, $D^2=0,04$ entre os pares PI 262450 e PI 568795.

A seleção de genótipos baseado nos resultados das análises avaliadas e divergência genética pode contribuir significativamente para obtenção de híbridos com melhor teor e qualidade do óleo, sugerindo as seguintes combinações: 113 x 116, 85 x 87, 100 x 53, 27 x 118, 59 x 95, 41 x 40 e 15 x 112.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABUD, H. F.; GONÇALVES, N. R.; REIS, R. G. E.; GALLAO, M. I.; INNECCO, R. Morfologia de sementes e plântulas de cártamo. **Revista Ciência Agronômica**. 41:259-265, 2010.
- ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; DA SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**. 45:884-891, 2015.
- AMARAL JUNIOR, A. T. **Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 198 p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento).
- AMINI, F.; SAEIDI, G.; ARZANI, A. Study of genetic diversity in safflower genotypes using agro-morphological traits and RAPD markers. **Euphytica**. 163:21-30, 2008.
- ANP – Agência Nacional de Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis. Disponível em: <http://www.anp.gov.br/component/content/article/2-uncategorised/5258-anuario-estatistico-2019-dados-abertos>. Acesso em: 22, Novembro, 2019.
- ASHRI, A.; KNOWLES, P. F. Cytogenetics of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) species and their hybrids. **Agronomy Journal**. 52:11-17, 1960.
- 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**. 9:213-219, 2018.
- BEKELE, A.; ALEMAW, G.; ZELEKE, H. Genetic divergence among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) introductions in Ethiopia based on agronomic traits. **Journal of Biology, Agriculture and Healthcare**. 2:6-12, 2012.
- BELLÉ, A. R.; ROCHA, E. K.; BACKES, F. A. A. L.; NEUHAUS, M.; SCHWAB, N. T. Safflower grown in different sowing dates and plant densities. **Ciência Rural**. 42:145-2150, 2012.
- 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**. 2:409-416, 2011.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**. 3:279-286, 2006.

BIODIESELBR disponível e: <https://www.biodieselbr.com/>. Acesso em: 22, Novembro, 2019.

BORGES, R.M.E.; ALVES, E. O. D. S.; GONÇALVES, N. P. D. S.; GOMES, A. P. D. O.; ANDRADE, D. C. L.; ALBUQUERQUE, T. C. S. D. Phenotypic divergence among wine grape accessions in the semi-arid region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 10:260-265, 2010.

BURATTO, J. S.; SANTOS NETO, J.; MODA-CIRINO, V. Desempenho agrônômico e dissimilaridade genética entre acessos de amendoim por variáveis multicategóricas. **Scientia Agraria Paranaensis**. 15:324-331, 2016.

BURKANT, A. **Flora ilustrada de Entre Rios (Argentina)**. Parte VI: Dicotiledôneas metaclamídeas. Buenos Aires: I.N.T.A, 1974. Tomo VI.

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatísticas, 1990. 105p.

BÜTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G. E CARVALHO, F.I.F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**. 40:1264-1269, 2010.

CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L. D. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**. 66:595-603, 2007.

CAMAS, N.; ESENDAL, E. Estimates of broad-sense heritability for seed yield and yield components of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Hereditas**. 143:55-57, 2006.

CARDOSO, L. G. V.; BARCELOS, M. D. F. P.; OLIVEIRA, A. F.; PEREIRA, J. D. A. R.; ABREU, W. C.; PIMENTEL, A. F.; PEREIRA, A. M. C. Características físico-químicas e perfil de ácidos graxos de azeites obtidos de diferentes variedades de oliveiras introduzidas no Sul de Minas Gerais–Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**. 31:127-135, 2010.

CASTRO, M. D. L.; PRIEGO-CAPOTE, F. Soxhlet extraction: Past and present panacea. **Journal of Chromatography A**. 1217:2383-2389, 2010.

CHAMBÓ, E. D.; CORRÊIA, A. F.; CUNHA, F.; GARCIA, R. C.; OLIVEIRA, N. T. E.; VASCONCELOS, E. S.; SILVA, N. L. S. Análise de agrupamento de genótipos de girassol cultivados em condição de polinização livre e restringida. **Scientia Agraria Paranaensis**. 13:323-328, 2014.

CHANDRABA, R. J.; SHARMA, R. K. Heritability estimates in almond [*Prunus dulcis* (Miller)]. **Scientia Horticulture**. 79:237-243, 1999.

CODEX ALIMENTARIUS. codex Stan 192, 1995. **Norme générale Codex pour les additifs alimentaires**, 2015.

CORONADO, L. M. **El cultivo del cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) en México**. Ciudad Obregon-México: SGI, 2010. 98p.

CORREIA, M. S.; ARAÚJO, G. S.; PAULO, J. B. A.; SOUSA, E. M. B. D. Avaliação das potencialidades e características físico-químicas do óleo de Girassol (*Helianthus annuus* L.) e Coco (*Cocos nucifera* L.) produzidos no Nordeste brasileiro. **Scientia Plena**.10, 2014.

COSTA, L. C.; FRANÇA, R. E. T.; SANTOS, D. S.; COSTA, M. C. P.; BARBOSA, M. D. C. L.; NASCIMENTO, M. D. D. S. B. Caracterização físico-química de óleos fixos artesanais do coco babaçu (*Orbignya phalerata*) de regiões ecológicas do estado do Maranhão, Brasil. **Pesquisa em Foco**. 20:27-38, 2015.

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. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. 3:271-276, 2013.

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

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulações**. Viçosa: UFV, 2006. 175p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1994. 390 p.

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012, v.1, 514p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- DAJUE, L; MUNDEL, H. H. **Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops**. Rome: IPGRI-International Plant Genetic Resource Institute.1996. 81p.
- DANIELI, P. P.; PRIMI, R.; RONCHI, B.; RUGGERI, R., ROSSINI, F.; DEL PUGLIA, S.; CERETI, C. F. The potential role of spineless safflower (*Carthamus tinctorius* L. var. *inermis*) as fodder crop in central Italy. **Italian Journal of Agronomy**. 6:19-22, 2011.
- EGBUONU, A. C. C.; AGUGUESI, R.G.; SAMUEL, R.; OJUNKWU, O.; ONYENMERI, F.; UZUEGBU, U. Algumas propriedades físico-químicas do óleo de semente de melancia extraída com éter de petróleo (*Citrullus lanatus*). **Revista Asiática de Pesquisa Científica**.8:519-525, 2015.
- EKIN, Z. Ressurgence of Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) utilization: A global view. **Journal Agronomic**. 4:83-87, 2005.
- ELFADL, E.; REINBRECHT, C.; CLAUPEIN, W. Evaluation of phenotypic variation in a worldwide germplasm collection of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) grown under organic farming conditions in Germany. **Genetic resources and crop evolution**. 57:155-170, 2010.
- EL-LATTIEF, E. A. A. Evaluation of 25 safflower genotypes for seed and oil yields under arid environment in upper Egypt. **Asian Journal of Crop Science**. 4:72-79, 2012.
- EMONGOR, V. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) the underutilized and neglected crop: A review. **Asian Journal of Plant Sciences**. 9:299-306, 2010.

EVARISTO, A. B.; GOULART, S.; MARTINS, A. D.; PIMENTE, L.; GROSSI, J. Caracterização físico-química de frutos de macaúba provenientes de três regiões do estado de Minas Gerais. **Revista Agrotecnologia**. 8:81-92, 2017.

FAOSTAT - Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division. Safflower Seed. (FAO) 2018.

FARIA, L. A.; PELUZIO, J. M.; SANTOS, W. F.; SOUZA, C. M.; COLOMBO, G. A.; AFFÉRI, F. S. Oil and protein content in the grain of soybean cultivars at different sowing seasons. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 13:1-7, 2018.

FAUGNO, S.; PIANO, L.; CRIMALDI, M.; RICCIARDIELLO, G.; SANNINO, M. Mechanical oil extraction of *Nicotiana tabacum* L. Seeds: Analysis of main extraction parameters on oil yield. **Journal of Agricultural Engineering**. 47:142- 147, 2016.

FERREIRA, J. F. M.; REIS, M. C.; SANTOS, J. C. G.; GOMES, B. C.; GOMES, D. A.; JÚNIOR, E. G. S.; OLIVEIRA, M. M.; NASCIMENTO, A. F. O.; AGUIAR, L. H. M.; SOUSA, L. B. Variáveis canônicas e importância relativa de características intrínsecas da fibra no agrupamento de genótipos de algodoeiro colorido. In: 8º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Resumos... Goiânia, GO. 2015 **Resumos...** Goiânia, 2015.

FERREIRA, M. C. M. **Aplicação de técnicas analíticas instrumentais e físico-químicas com quimiometria para avaliação da qualidade e discriminação de óleos vegetais e azeites de oliva extra virgem**. Campo Mourão. Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2016. 84p. (Dissertação - Mestrado em Tecnologia de Alimentos).

GALAVI, M.; RAMROUDI, M.; TAVASSOLI, A. Effect of micronutrients foliar application on yield and seed oil content of safflower (*Carthamus tinctorius*). **African Journal of Agricultural Research**. 7:482-486, 2012.

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

GRACIA, A. B.; ESPINOZA, X. M. O.; MÁRQUEZ, J. P.; CAMARENA, M. G. G.; CERVANTES, J. M.; CORONADO, L. M. **Guia para produzir cártamo em Sinaloa**. Fundación Produce, Sinaloa, México, 2010. 22p.

GUEDES, J. M.; VILELA, D. J. M.; REZENDE, J. C.; SILVA, F. L.; BOTELHO, C. E.; CARVALHO, S. P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**. 72:127-132, 2013.

GUIDORIZZI, F. V. C.; SORATTO, R. P.; SILVA, M. M.; BORTOLHEIRO, F. P. A. P. Adubação nitrogenada para a cultura do cártamo cultivado em sistema plantio direto na safrinha. In: XXXV Congresso brasileiro de ciência do solo, Natal, RN. **Anais...** Natal. 1-4, 2015.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 679p.

HOFBAUER, J.; PELIKAN, J. Production of safflower in Czech Republic. In: **Proceedings of the IVth International Safflower Conference**. 1997.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. São Paulo, 2008.1020p.

IVANOFF, M. E. A.; UCHÔA, S. C. P.; ALVES, J. M. A.; SMIDERLE, O. J.; SEDIYAMA, T. Formas de aplicação de nitrogênio em três cultivares de girassol na savana de Roraima. **Revista Ciência Agronômica**. 41:319-325, 2010.

IVOGLO, M. G.; FAZUOLI, L. C.; OLIVEIRA, A. C. B. D.; GALLO, P. B.; MISTRO, J. C.; SILVAROLLA, M. B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**. 67:823-831, 2008.

JASPER, S. P.; BIAGGIONI, M. A. M.; SILVA, P. R. A. Caracterização físico-química do óleo e do biodiesel de *Crambe abyssinica Hochst*. **Nucleus**. 10:183-190, 2013.

KATKADE, M.; SYED, H.; ANDHALE, R.; SONTAKKE, M. Fatty acid profile and quality assessment of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) oil. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**. 7:3581-3585, 2018.

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 (*Carthamus tinctorius* L.). **Genetic Resources and Crop Evolution**. 56:19-30, 2009.

KISHA, J. T.; JOHNSON, R.C. **Chapter 6: Safflower**. Publications from USDA-ARS /UNL Faculty. 1307. Washington. 146-162, 2012.

LAVIOLA, B. G.; ALVES, A. A.; ROCHA, R. B. Estratégias agronômicas para aproveitamento da torta de pinhão-mansão e melhoramento genético visando ao

desenvolvimento de cultivares atóxicas de alto desempenho. In: SIMPÓSIO SOBRE DESTOXIFICAÇÃO E APROVEITAMENTO DAS TORTAS DE PINHÃO-MANSO E MAMONA, 2013, Brasília, DF. **Anais...** Brasília, DF: EMPRAPA Agroenergia. 25-54, 2013.

LUZ, D. A.; MACHADO, K. R. G.; PINHEIRO, R. S.; MACIEL, A. P.; SOUZA, A. G.; SILVA, F. C. Óleo de babaçu bruto (*Orbignya phalerata* mart.) e de um subproduto da etapa de degomagem do processo de refino. **Cadernos de Pesquisa**. 18:19-22, 2011.

MACHADO, G. C.; CHAVES J. B. P.; ANTONIASSI R. "Composição em ácidos graxos e caracterização física e química de óleos hidrogenados de coco babaçu. **Revista Ceres**. 53:463-470, 2006.

MENDOZA, A.; NOLDIN, O. Divergencia genética entre genótipos de girasol. **Investigación Agraria**. 18:1-7, 2016.

MME – Ministério de Minas e Energia. Disponível em: <http://www.mme.gov.br/web/guest/busca-portal-mme>. Acesso em: 22, Novembro, 2019.

MONTALVÃO, A.; SALA, P.; SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; BRIGE, F. A. A.; MOURA, C. H. P.; SOUZA, N. Diversidade genética em genótipos de girassol no cerrado do Distrito Federal. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE GIRASSOL, 22.; SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE A CULTURA DO GIRASSOL. Lavras. **Anais...** Londrina: Embrapa Soja. 168-171, 2015.

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

MORETTO, E.; ALVES, R. F. **Óleos e gorduras vegetais processamento e análises**. Florianópolis: UFSC, 1986.

MORETTO, E.; FETT, R. **Tecnologia de Óleos e Gorduras Vegetais**. São Paulo: Varela, 1998. 150p.

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 (*Carthamus tinctorius*). **Journal of Agronomic Sciences**. 4:136-150, 2015.

MUNDEL, H. H.; BERGMAN, J. W. Safflower. In: **Oil Crops**. Springer, New York. 423–448, 2009.

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.

NABIPOUR, M; MESKARBASHEE, M; YOUSEFPOUR, Y. The effect of water deficit on yield and yield components of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Pakistan Journal of Biological Sciences**. 10:421-426, 2007.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A. J. D.; SOUZA, V. Q. D. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**. 40:164-174, 2017.

NUNES, S. P. Produção e consumo de óleos vegetais no Brasil. **Conjuntura Agrícola**. 2007.

NY, A. S.; DENGAWI, R. A. H.; KHALEFA, A. H.; YAHIA, N. Characteristics and oxidative stability of some safflower (*Carthamus Tinctorius* L.). **Journal of Nutrition & Food Sciences**. 14:1-6, 2015.

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: 05 de Outubro, 2019.

OLIVEIRA, G. P. Extração do óleo de semente de uva por prensagem. **Revista de Ciências Exatas e Engenharia**. 13:93-105, 2003.

OLIVEIRA, G. G. **Trichoderma spp. no crescimentovegetal e no biocontrole de Sclerotinia sclerotiorum e de patógenos em sementes de (*Carthamus tinctorius*)**. Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria. 2007. 80p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

OLIVEIRA, L. R.; NEVES, J. A.; SILVA, M. D. J. M. Avaliação da qualidade físico-química do óleo bruto da amêndoa de babaçu (*Orbignya* spp). **Comunicata Scientiae**. 4:161–167, 2013.

OLIVO, M. **Cruzamentos dialélicos F1 e F2 em cártamo (*Carthamus tinctorius* L.)**. Faculdade de Ciências Agrônômicas da UNESP, Botucatu. 51p. (Tese – Doutorado em Agronomia) 2017.

OMIDI, A. H.; KHAZAEI, H.; MONNEVEU, P.; STODDARD, F. Effect of cultivar and water regime on yield and yield components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Turkish Journal of Field Crops**. 17:10-15, 2012.

PERRY, R. H.; BENSKOW, L. R.; BEIMESCH, W. E. Perry's Chemical Engineers' Handbook. 8 ed. **Nova Yorque**: Mc Graw-Hill, 2008.

PIMENTEL GOMES, F. Curso de Estatística Experimental. 12. ed. Piracicaba: **Livraria Nobel**, 1985. 467p.

PINTÃO, A. M.; SILVA, I. F. A verdade sobre o açafreão. In: WORKSHOP PLANTAS MEDICINAIS E FITOTERAPÊUTICAS NOS TRÓPICOS, 9, 2008, Lisboa. **Resumos...** Lisboa: IICT /CCCM, 2008. Versão Eletrônica.

POLETINE, J. P.; MACIEL, C. D. G.; SOUZA, J. I.; BARELLI, M. A. A.; CABRAL, Y. C. F.; OLIVEIRA, V. B.; NEVES, L. G. Genetic divergence among sunflower genotypes based on morph agronomic traits in Parana State. **African Journal of Agricultural Research**. 7:6054-6061, 2012.

POLETINE, J. P.; SAPIA, J. G.; MACIEL, C. D. G. Parâmetros genéticos em híbridos de girassol nas condições do arenito caiué. **Journal of Agronomic Sciences**. 2:132-147, 2013.

PORTO, W. S.; CARVALHO, C. G. P.; PINTO, R. J. B. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 42:491-499, 2007.

PUSHPAVALLI, S.; RAJESWARI, R. R.; SUDHAKAR, C. Assessment of genetic diversity in safflower germplasm lines (*Carthamus tinctorius* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**. 6:546-549, 2015.

RAMALHO, H. F.; SUAREZ, P. A. A Química dos Óleos e Gorduras e seus Processos de Extração e Refino. **Revista Virtual de Química**. 5:2-15, 2013.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390 p.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M. D.; WASTOWSKI, A. D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**. 42:1954-1959, 2012.

ROCHA, M. D. M.; CAMPELO, J. E. G.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. D. A. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de caupi de

tegumento branco. **Embrapa Meio-Norte-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2003.

RODRIGUES, J. I. D. S.; ARRUDA, K. M. A.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G. D.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**. 47:1-6, 2017.

ROHLF, F. J. Adaptive Hierarchical clustering schemes. **Systematic Zoology**. 18:58-82, 1970.

SALGADO, J. M.; DANIELI, F.; REGITANO-D'ARCE, M. A. B.; FRIAS, A.; MANSI, D. N. O óleo de abacate (*Persea americana* Mill) como matéria-prima para a indústria alimentícia. **Food Science and Technology**. 28:20-26, 2008.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. 30:507-512, 1974.

SHIVANI, D.; SREELAKSHMI, C. Genetic divergence studies in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm lines. **Electronic Journal of Plant Breeding**. 4:1184-1187, 2013.

SHIVANI, D.; SREELAKSHMI, C.; KUMAR, C. V. Canonical variate analysis in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**. 2:563-567, 2011.

SHIVANI, D.; SREELAKSHMI, C.; KUMAR, C. V. Heterosis and inbreeding depression for yield and yield components in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**. 1:1492-1494, 2010.

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

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**. 32:69-77, 2012.

SILVA, K. C. L.; SILVA, K. P.; CARVALHO, E. V.; ROTILLI, E. A.; AFFÉRRRI, F. S.; PELUZIO, J. M. Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. **Revista Agro@mbiente On-line**. 9:102-110, 2015.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**. 33:449-458, 2012.

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

SINGH, V; NIMBKAR, N. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.), **Genetic resources, chromosome engineering and crop improvement**. 6:49-89. 2006.

SINGH, V; NIMBKAR, N. Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) In: SINGH, R, J: **Genetic Resources Chromosome Engineering, and Crop Improvement: Oil Crops**. 3:168-194, 2007.

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES J. A. M. D.; FACCHINELLO, P. H. K.; OLIVEIRA, A. C. D. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**. 48:101-109, 2017.

STRECK, N. A.; BELLÉ, R. A.; ROCHA, E. K.; SCHUH, M. Estimating leaf appearance rate and phyllochron in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Ciência Rural, Santa Maria**. 35:1448 -1450, 2005.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**. 23:22-27, 2005.

TAYADE, S. D.; RATNAPARKHI, R. D.; GUNDEWADI, V. B.; NICHAL, S. S.; MALI, R. S. Genetic Divergence for Seed Related Characters in Selected Germplasm of Safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**. 6:875-880, 2015.

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

USDA – United States Department of Agriculture. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade>. Acesso em: 23, Outubro, 2019.

VELLINI, A. L. T. T. **Desempenho e divergência genética entre clones de *Eucalyptus spp.* em diferentes regimes de irrigação em casa de vegetação**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”. 2007, 104p. (Tese-Doutorado em Agronomia/Genética e Melhoramento de Plantas).

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

VIVAS, M. J. Culturas Alternativas – Cártamo, Sésamo e Camelina. **Melhoramento**. 38:183-192. 2002.

VORPSI, V.; HARIZAJ, F.; BARDHI, N.; VLADI, V.; DODONA, E. *Carthamus tinctorius* L., the quality of safflower seeds cultivated in Albania. **Research Journal of Agricultural Science**. 42:326-331, 2010.

WEISS, E. A. **Oil seed crops**. Longman, London. 216–281, 1983.

YEILAGHI, H.; ARZANI, A.; GHADERIAN, M. Evaluating the contribution of ionic and agronomic components toward salinity tolerance in safflower. **Agronomy Journal**. 107:2205-2212, 2015.

YEILAGHI, H.; ARZANI, A.; GHADERIAN, M.; FOTOVAT, R.; FEIZI, M.; POURDAD, S. S. Effect of salinity on seed oil content and fatty acid composition of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes. **Food chemistry**. 130:618-625, 2012.

ZANÃO JUNIOR, L. A. Z.; PASCHOAL, T. S.; PEREIRA, N.; ARAUJO, P. M.; SECCO, D.; SANTOS, R. F.; PRIOR, M. Seed productivity, oil content and accumulation of macronutrients in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes in subtropical region. **Australian Journal of Crop Science**. 11:1254-1260, 2017.

ZENEON, O.; PASCUET, N. S.; TIGLEA, P.; LUTZ, A.; ZENEON, O.; PASCUET, N. S.; TOLEDO, H. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. 4ª Edição, 1ª Edição Digital. São Paulo, 2008. 1020p.

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).