

ANALISE MULTIVARIADA ENTRE LINHAGENS E CULTIVARES DE LINHO

HENRIQUE TOLOMINI DOS SANTOS
JENIFER EMANUELI SEFSTRON LUBIAN
RODRIGO DANIELOWSKI

RESUMO

A cultura do linho (*Linum usitatissimum* L.) tem despertado crescente interesse agrônomo devido à sua versatilidade na produção de óleo, fibra e grãos, especialmente no contexto do melhoramento genético. Portanto, o presente estudo teve como objetivo geral avaliar a dissimilaridade genética em 15 genótipos de linho dourado nas condições edafoclimáticas de Giruá, RS, no ano de 2024. Para tanto, foi utilizado o método de abordagem quantitativo, procedimento experimental e estatístico. A técnica de coleta de dados foi a observação direta intensiva, por observação, sendo os dados analisados com o uso da análise multivariada. As características com maior contribuição para a divergência genética foram os dias da emergência à maturação (25%), número de cápsulas por planta (20%) e dias até a segunda floração (15%). Análises de agrupamento revelaram formação de até três grupos genéticos distintos, com destaque para o isolamento do genótipo GDF-4. Conclui-se que há ampla diversidade genética entre os genótipos avaliados, sendo possível identificar materiais com alto potencial produtivo e genótipos divergentes com valor estratégico para cruzamentos.

Palavras-chave: *Linum usitatissimum*. Variabilidade genética. Melhoramento genético.

1 INTRODUÇÃO

O linho (*Linum usitatissimum* L.) é uma cultura de grande importância econômica e histórica, cultivada mundialmente para produção de fibras têxteis e extração de óleo de suas sementes. As fibras são amplamente utilizadas nas indústrias têxteis, enquanto o óleo possui aplicações alimentícias, farmacêuticas e industriais. Globalmente, a área destinada ao linho oleaginoso alcança aproximadamente 2,6 milhões de hectares, com produção superior a 33 milhões de toneladas anuais (FAO, 2020).

Estudos de dissimilaridade genética fornecem subsídios para decisões estratégicas em programas de melhoramento, indicando quais genótipos são mais divergentes e, portanto, mais promissores para uso como parentais em cruzamentos. Essa abordagem é relevante para culturas com baixa base genética cultivada no país, como o linho, cuja adaptação a condições edafoclimáticas brasileiras ainda é restrita.

Diante disso, este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a dissimilaridade genética entre quinze genótipos de linho dourado, incluindo treze linhagens e duas cultivares testemunhas, cultivados em Giruá, Rio Grande do Sul, na safra de 2024. Especificamente, buscou-se identificar diferenças em características

fenológicas e produtivas, estimar a contribuição relativa de cada variável para a divergência genética e agrupar os genótipos com base em sua similaridade, visando fornecer informações úteis para futuros programas de melhoramento da cultura no Brasil.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

No Brasil, a cultura apresenta baixa expressão comercial, concentrando-se na região Sul como alternativa para a rotação de culturas de inverno, graças ao seu ciclo relativamente curto, baixa exigência em tratamentos culturais e potencial para diversificação das propriedades agrícolas (Lúcio *et al.*, 2021). Além de ser uma oleaginosa de interesse industrial e alimentar, o linho vem ganhando relevância para sistemas de produção sustentáveis, pois melhora a estrutura do solo, reduz pragas e doenças e contribui para a diversificação de renda.

O melhoramento genético de plantas visa desenvolver cultivares superiores por meio da seleção de genótipos adaptados a diferentes condições edafoclimáticas. Para isso, o conhecimento da variabilidade genética é fundamental, pois possibilita a identificação de materiais divergentes e parentais promissores para cruzamentos (Cruz, 2012). A variabilidade genética é a base para o progresso dos programas de melhoramento, permitindo incorporar características como produtividade, resistência a estresses bióticos e abióticos, precocidade e qualidade dos produtos.

Entre as ferramentas estatísticas utilizadas para caracterizar a divergência genética destacam-se as análises multivariadas, como a distância generalizada de Mahalanobis, o agrupamento hierárquico UPGMA e as variáveis canônicas. Essas metodologias integram múltiplas variáveis em um mesmo modelo, possibilitando detectar padrões e relações complexas que não seriam evidenciados pelas análises univariadas (Cruz, 2012).

3 METODOLOGIA

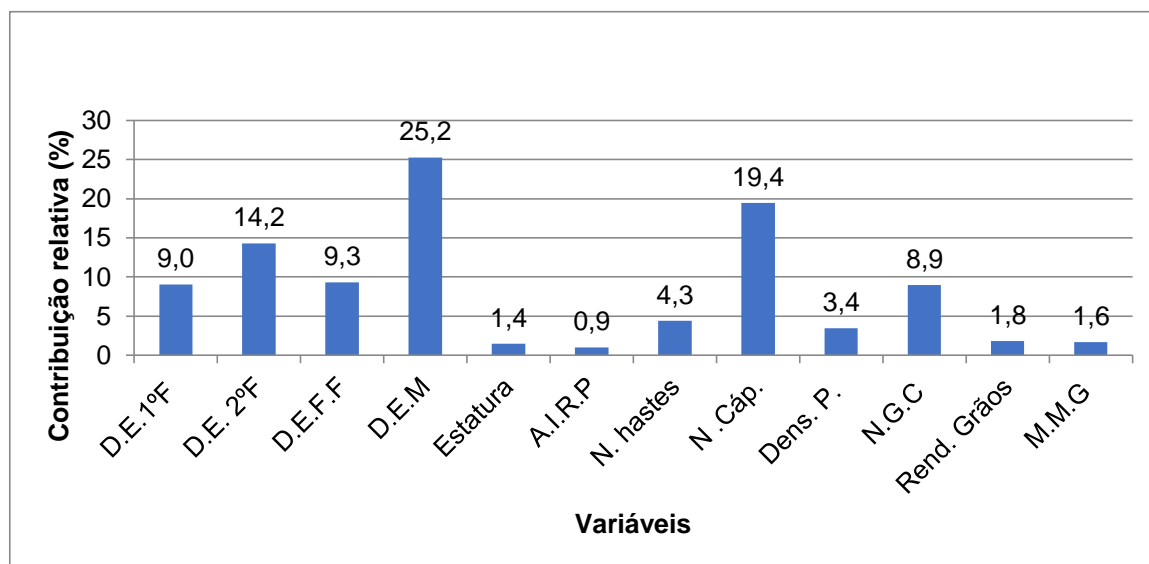
O estudo foi conduzido no município de Giruá-RS, safra 2024, em uma propriedade rural na localidade de Rincão Bela Vista, utilizando abordagem quantitativa para mensuração e análise de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos em genótipos de linho dourado. O experimento foi estruturado em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições e 15 tratamentos, sendo 13 linhagens e duas cultivares testemunhas. Cada parcela foi composta por cinco linhas de sete metros ($5,95 \text{ m}^2$), com semeadura direta manual utilizando 750 sementes viáveis por metro quadrado. A adubação foi realizada com base na Comissão de Química e Fertilidade do Solo RS/SC (2016), aplicando-se 150 kg ha^{-1} da fórmula 10-30-20 no plantio e 100 kg ha^{-1} de ureia (45-00-00) em cobertura aos 30 dias após a emergência. Foram avaliadas variáveis fenológicas, como dias da emergência à primeira floração, segunda floração, final da floração e maturação; morfológicas, como estatura, altura de inserção do ramo produtivo, comprimento produtivo e número de hastes; e produtivas, como densidade de plantas, densidade de cápsulas, número de cápsulas por planta, número de grãos por cápsula, massa de mil grãos e rendimento de grãos. As medições foram realizadas por observação direta intensiva, coletando-se plantas tanto na área útil quanto na área destrutiva de cada parcela. Após a coleta

e tabulação, os dados foram submetidos às análises multivariadas de contribuição relativa de caracteres e agrupamento UPGMA empregando-se o software GENES. Essa combinação metodológica permitiu avaliar de maneira robusta a dissimilaridade genética entre as linhagens e cultivares, identificando diferenças estatisticamente significativas e agrupando genótipos com base em sua similaridade genética.

4 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

A contribuição relativa dos caracteres proposta por Singh (1981) possibilita a visualização da importância de cada característica na discriminação da variabilidade genética entre os genótipos estudados (Cruz, 2012). Na figura 01 pode-se observar que a variável dias da emergência à maturação (D.E.M) foi a que apresentou a maior contribuição ($S_j > 25\%$), evidenciando que o ciclo da cultura foi o que mais contribuiu para a discriminação dos genótipos em diferentes grupos. Essa variabilidade pode ser explorada em programas de melhoramento para a seleção de genótipos com ciclos mais curtos ou mais longos, dependendo do objetivo agrônômico (Borém *et al.*, 2021).

Figura 01 - Percentual de contribuição relativa dos caracteres morfológicos para à divergência genética (S_j), de 15 genótipos de linho.



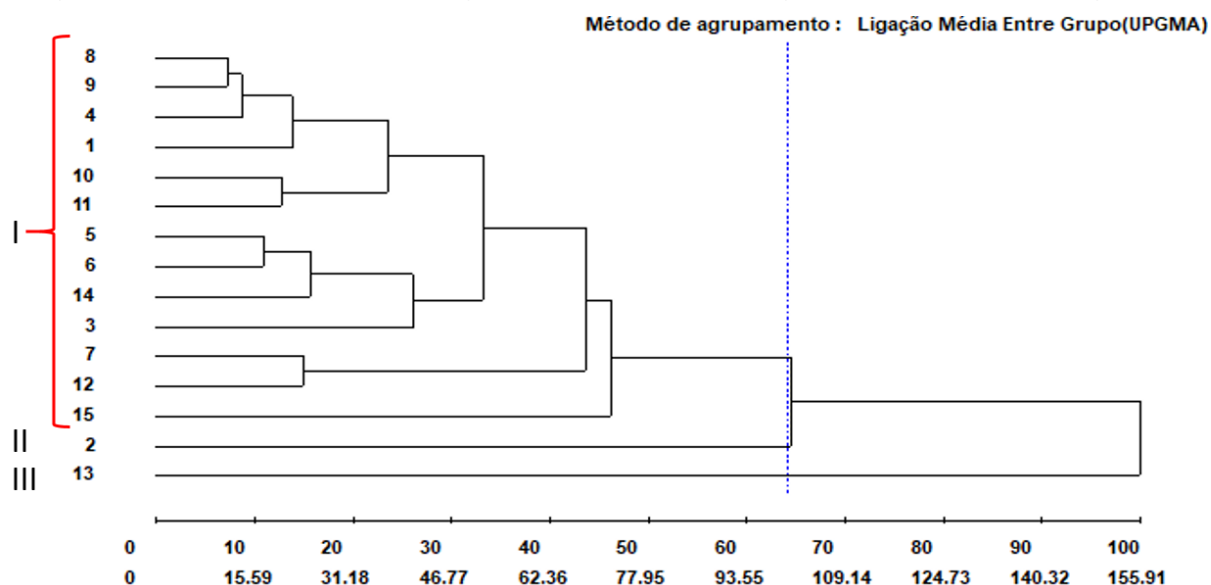
O número de cápsulas, com contribuição próxima a 20%, também demonstrou alta capacidade discriminante, reforçando sua relevância como indicador de produtividade. Genótipos com maior número de grãos por cápsula tendem a apresentar maior rendimento, sendo este um dos principais objetivos dos programas de seleção genética. Já o período dias de emergência à 2ª floração, indicou cerca de 15% de contribuição relativa. Resultados semelhantes foram observados por Fioreze *et al.*, (2023), que reportaram a duração do ciclo como um dos principais determinantes da divergência entre linhagens de linhaça dourada em análise multivariada.

Um dos métodos utilizados para análise de agrupamento é o UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), no qual os agrupamentos são

realizados de forma hierárquica, com base nas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade entre os pares, o que minimiza a influência de valores extremos na caracterização da dissimilaridade entre os genótipos.

No presente estudo, a aplicação do método UPGMA resultou na formação de um dendrograma que agrupou os genótipos em distintos grupos, refletindo os padrões de similaridade genética observados, conforme demonstrado na figura 02.

Figura 02 - Caracteres morfológicos por método de agrupamento – Dendrograma



O método possibilitou a discriminação de três grupos, a partir do ponto de corte de Mojena (1977). O primeiro grupo foi formado pela maior parte dos genótipos avaliados, inclusive as testemunhas (14- CS D001 e 15- SOLIN). Já os grupos dois e três foram formados por apenas um genótipo cada, respectivamente 2018D09 e GDF-4. O genótipo 13 (GDF-4) foi o que apresentou o ciclo mais precoce para a avaliação de dias da emergência à maturação, sendo esta a característica que apresentou a maior contribuição relativa. Já, o genótipo 2018 D09, foi o que apresentou o maior ciclo do experimento 107 dias.

5 CONCLUSÃO

O estudo realizado em Giruá-RS na safra 2024 demonstrou que existe ampla variabilidade genética entre as 15 linhagens e cultivares de linho dourado avaliadas. As análises multivariadas evidenciaram diferenças significativas em características fenológicas, morfológicas e produtivas, confirmando a importância de integrar múltiplas abordagens estatísticas para compreender o desempenho agrônomo dos genótipos. A análise multivariada, por meio da contribuição relativa dos caracteres e UPGMA, confirmou a formação de três grupos genéticos distintos, isolando GDF-4 como material precoce e de baixo rendimento e 2018-D09 como tardio, enquanto 2018-D05 e GDD-1 se destacaram pelo alto rendimento. Esses resultados reforçam que cruzamentos entre materiais contrastantes, como GDF-4 e 2018-D05, podem reunir precocidade, arquitetura equilibrada e produtividade elevada, ampliando a base

genética e a adaptabilidade das futuras cultivares. Dessa forma, o trabalho atingiu seu objetivo de avaliar a dissimilaridade genética entre linhagens e cultivares de linho dourado e fornece subsídios concretos para estratégias de melhoramento genético e seleção de parentais adaptados às condições do Sul do Brasil.

6 REFERÊNCIAS

BORÉM, Aluízio; MIRANDA, Glauco V.; FRITSCHÉ-NETO, Roberto. **Melhoramento de plantas**. Oficina de Textos, 2021.

CRUZ, Cosme Damião. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, v. 1, ed. 4.UFV, 2012.

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT: Producción de cultivos y ganado**. Roma: FAO, 2020. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>. Acesso em: 10 outubro 2024.

FIOREZE, Ana Carolina da Costa Lara et al. **Agronomic performance and yield stability of yellow flax genotypes in the state of Santa Catarina, Brazil**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 58, p. 33-49, 2023.

LÚCIO, Alessandro Dal'Col; VELHO, João Pedro. **Linhaça: perspectiva de produção e usos na alimentação humana e animal**. Ponta Grossa, Atena Editora, 2021.