

## VARIABILITY AND GENETIC ADVANCE IN SUNFLOWER (1).

D.Alvarez (2), P.Ludueña (3) y E.Frutos (3).

INTA E.E.A. Manfredi- C.P.5988 - Córdoba - Argentina.

The success of breeding programs is related to the amount of variability and heredable fraction. The purpose of this research is to estimate genetic variation, heredability and genetic advance due to direct and indirect selection. Thirty seven open pollinated populations were evaluated by 21 morphological, phenological and agronomical traits in three environments at Pergamino, Argentina. Genotypes showed a wide genetic variability and significative genotype-environment interactions in all traits. Cycle up to flowering, whole cycle, grain length and plant height showed the highest broad sense heredabilities. Direct estimated genetic advances were high in grain number, grain yield and oil yield. Indirect responses on oil content were low. Indirect responses on grain and oil yield by selection of morphological characters -specially head diameter- were more efficient than direct selection.

## INTRODUCCION

El éxito de un programa de mejoramiento genético depende de la existencia de variabilidad, así como la magnitud de la fracción heredable, respecto de la variación fenotípica total. La cuantificación de la variación genética, en materiales de amplia base germoplásmica permite estimar parámetros tales como heredabilidad, coeficiente de variación genético y avance genético esperado por selección, los cuales son fundamentales en la orientación de los programas de mejoramiento que posibilitan la selección de cultivares más productivos.

El objetivo de este trabajo fue estimar la variación genética, heredabilidad y avance genético esperado por selección directa e indirecta de diferentes caracteres morfológicos, fenológicos y agronómicos en una amplia muestra de poblaciones de girasol y en las condiciones de cultivo en Argentina

Sobre estos temas, se consideran los antecedentes de Shabana, 1974; Pathak, 1974 e Ivanon y Stoyanova, 1980, quienes trabajaron en diferentes países con diversos materiales.

- (1) Part of Thesis of M. Sc. in Plant Genetic Breeding.
- (2) Researcher of E.E.A. INTA Manfredi, Córdoba
- (3) Researcher of E.E.A. INTA Pergamino, Buenos Aires.

### MATERIALES Y METODOS

Se evaluaron veintidós caracteres, discriminados en: a) morfológicos : ancho de hoja (AH), altura de planta (AP), diámetro del tallo (DT) y diámetro de capítulo (DC); b) fenológicos o de ciclo: emergencia e inicio de floración (EI), inicio a fin de floración o amplitud de floración (AF), inicio de floración a madurez (IM), fin de floración a madurez (FM) y emergencia a madurez o ciclo total (CT); c) agronómicos: número de granos totales (GT), granos llenos (GL), peso de grano (PG), largo de grano (LG), ancho del grano (AG), espesor del grano (EG) y volumen del grano (VG), contenido de aceite en grano (CA) contenido de ácido oleico (CO), y linoleico en el aceite (CL), rendimiento de grano (RG), y de aceite (RA).

El material utilizado estuvo compuesto de treinta y siete poblaciones de polinización abierta, veintitrés de origen extranjero y catorce locales, las cuales constituyen una muestra de la Colección de Germoplasma de Girasol del INTA Manfredi.

Las evaluaciones se realizaron en tres ensayos en la Estación Experimental Agropecuaria del INTA Pergamino, los que se condujeron durante los años 1985/86 y 1986/87. En este último año se realizaron dos épocas de siembra bien distanciadas. El diseño estadístico fue de bloques completos aleatorizados con cuatro repeticiones y parcelas de tres hileras de 5,10 m, con plantas a 0,30 m entre sí. Las evaluaciones se realizaron sobre la hilera central.

El cuadro de análisis de la variancia para el modelo combinado fue:

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	ESPERANZA DE LOS CUADRADOS MEDIOS
Ambiente	a-1 = 2	$\sigma^2E + r \sigma^2GA + r g \sigma^2A$
Rep./Amb.	a(r-1) = 9	
Genotipo	g-1 = 36	$\sigma^2E + r \sigma^2GA + r a \sigma^2G$
Gen.x Amb.	(g-1)(a-1) = 72	$\sigma^2E + r \sigma^2GA$
Error	a(r-1)(g-1) = 324	$\sigma^2E$
Total	a r g-1 = 443	

a : Número de ambientes.

r : Número de repeticiones en cada ambiente.

g : Número de genotipos por repetición en cada ambiente.

$\sigma^2E$  : Componente de variancia del error experimental.

$\sigma^2GA$  : Componente de variancia de la interacción genotipo x ambiente.

$\sigma^2G$  : Componente de variancia genotípica.

La heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) y la variancia fenotípica entre medias de genotipos ( $\sigma^2F$ ), se calculó en base a los componentes de variancia de acuerdo a Hanson et al, 1956 :

$$H^2 = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2F} = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2G + \frac{\sigma^2GA}{a} + \frac{\sigma^2E}{ar}}$$

El coeficiente de variación genética (CVG), se determinó a partir de la fórmula propuesta por Hanson, 1963 :

$$CVG = \frac{\sigma_G}{\bar{X}} \times 100$$

El avance genético esperado por selección directa (AGD) e indirecta (AGI) fue calculado en porcentaje de la media, de acuerdo a Johnson et al, 1955 y Falconer, 1964 respectivamente:

$$AGD = \frac{H^2 \times \sqrt{\sigma^2 F} \times S}{\bar{X}} \times 100$$

$$AGI(x_1) = r_G X_1 X_2 \times \sqrt{H^2 X_2} \times \sqrt{H^2 X_1} \times \sqrt{\sigma^2 F X_1} \times S$$

donde:

S: es el índice de selección standarizado en términos de patrón fenotípico para una presión de selección de 0,20 (S= 1,4).

rGx1 x2: es el coeficiente de correlación genotípica entre los caracteres x1 y x2 calculado según Hanson et al, 1956, de acuerdo a la fórmula:

$$COV GX1 X2$$

$$\frac{\sqrt{\sigma^2 GX1} \sqrt{\sigma^2 GX2}}$$

donde COV GX1 X2 es la covariancia genotípica de X1 X2 .

#### RESULTADOS

Del análisis de varianza se obtuvieron diferencias entre genotipos altamente significativas ( $P \geq 0,99$ ) para la mayoría de los caracteres. Las variables de ciclo AF e IM sólo indicaron diferencias a un nivel de  $P \geq 0,95$ . No se detectaron diferencias entre genotipos para FM en estos niveles de P.

La interacción genotipo-ambiente (GA) fue altamente significativa ( $P \geq 0,99$ ) para todos los caracteres, lo cual confirma la elección del modelo con tres ambientes.

En el cuadro N° 1 figuran las magnitudes relativas de los componentes de variancia genotípicas ( $\sigma^2 G$ ), de interacción genotipo-ambiente ( $\sigma^2 GA$ ) y del error experimental ( $\sigma^2 E$ ), respecto de la componente genotípica o total ( $\sigma^2 F$ ). Para casi todos los caracteres, la mayor proporción del  $\sigma^2 F$ , es atribuible a  $\sigma^2 G$ , seguido de  $\sigma^2 GA$  y  $\sigma^2 E$ .

En los caracteres de ciclo IM y FM,  $\sigma^2 GA$  representa la mayor parte de  $\sigma^2 F$  (53,91 y 73,80 % respectivamente). También para FM,  $\sigma^2 E$  fue más importante que  $\sigma^2 G$  en su relación con  $\sigma^2 F$  (13,74 %).

Los mayores valores para la relación  $\sigma^2 G/\sigma^2 F$ , heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) para el promedio de genotipos, correspondieron a los caracteres AP y EI con 96,3 y 95,6 % respectivamente. El CA y RG mostraron una  $H^2$  de 89,19 y 73,98% respectivamente. La menor  $H^2$  fue para el caracter FM con un 12,45 %. Los coeficientes de variación genética (CVG) muestran en el cuadro N° 1, que la mayoría de los caracteres presentan sustanciales cantidades de variancia genética, respecto de sus valores medios, salvo en FM, IM y CL con 1,82 , 2,98 y 2,41 % respectivamente. Los mayores CVG fueron para RG (21,22 %) y RA (20,33 %). Por otra parte los mayores coeficientes de variación del error (CVE)

pertenecieron a AF, GT, GL, PG, VG, RG y RA. La relación CVG/CVE fue mayor que 1 en los caracteres EI, AH, AP, DT, DC, LG, AG, CA, RG y RA, lo cual indica las mejores posibilidades de éxito en el mejoramiento por selección de estas variables.

CUADRO 1  
COMPONENTES DE VARIANCI A GENOTIPICA, DE INTERACCION G A Y DEL ERROR EN PROPORCION A LA VARIANCI A FENOTIPICA TOTAL, COEFICIENTE DE VARIACION GENETICA, DEL ERROR Y SU RELACION (CVG/CVE) PARA 21 CARACTERES EN 37 POBLACIONES DE GIRASOL Y 3 AMBIENTES.

CARACTER	$\frac{\sigma^2G}{\sigma^2F}$	$\frac{\sigma^2GA/A}{\sigma^2F}$	$\frac{\sigma^2E/A}{\sigma^2F}$	CVG	CVE	CVG/CVE
	(%)	(%)	(%)	(% X)	(% X)	
EI	95.60	3.92	0.50	9.73	2.44	3.988
AF	46.15	38.12	16.02	8.57	17.48	0.490
IM	37.92	53.91	8.08	2.98	4.76	0.696
FM	12.45	73.80	13.74	1.82	6.62	0.275
CT	90.97	8.37	0.67	6.26	1.85	3.384
AH	78.81	15.48	5.68	10.20	9.49	1.075
AP	96.30	2.80	0.90	19.78	6.61	2.992
DT	89.14	6.29	4.60	12.78	9.97	1.272
DC	76.85	12.47	10.63	7.99	10.29	0.776
GT	82.31	8.42	9.27	18.50	21.51	0.860
GL	72.56	17.67	9.77	17.50	22.23	0.787
PG	65.96	22.87	12.19	10.22	15.20	0.672
LG	90.90	3.62	5.49	6.00	5.11	1.174
AG	87.23	5.70	7.05	7.44	7.33	1.015
EG	74.78	13.83	11.41	6.60	8.93	0.739
VG	77.49	14.15	8.37	16.94	19.28	0.879
CA	89.19	9.19	1.65	9.47	4.45	2.128
CO	62.45	24.22	13.30	5.10	8.15	0.626
CL	60.81	23.17	16.10	2.41	4.29	0.562
RG	73.98	21.65	4.37	21.22	17.86	1.118
RA	70.02	25.14	4.83	20.33	18.51	1.098

En el cuadro N° 2, se muestra el avance genético esperado (AGD) ante una selección hipotética del 20 % de los valores extremos ( $S=1,4$ ) de cada variable, calculado en porcentaje de la media, Los menores avances fueron para FM, IM y CL, mientras que los mayores avances se registraron para AP, RG, RA, GT, GL, y VG. Los avances genéticos indirectos (AGI) esperados para CA cuando se selecciona por cualquiera de los otros 20 caracteres fueron bajos y en todos los casos menores a los avances estimados por selección directa del mismo carácter. Los AGI de RG Y RA ante la selección de los caracteres morfológicos, en especial DC y AH, fueron superiores a los AGD estimados por selección de RG y RA.

**CUADRO 2**  
**AVANCE GENETICO DIRECTO E INDIRECTO ESPERADO**  
**PARA UNA INTENSIDAD DE SELECCION DEL 20 % (s=1,4)**  
**PARA 21 CARACTERES EN 37 POBLACIONES DE GIRASOL**  
**y 3 AMBIENTES.**

CARACTER AGD (% X)	AGI (% $\bar{X}$ )			
	CA	RG	RA	
EI	13.33	-5.42	11.36	4.91
AF	8.12	-1.63	23.90	20.36
IM	2.56	0.69	20.87	18.91
FM	0.90	1.97	8.41	8.54
CT	8.35	-4.50	16.46	10.25
AH	12.69	-0.07	26.33	24.29
AP	27.17	-3.70	26.39	20.79
DT	16.76	-3.36	24.32	18.97
DC	9.83	-0.27	27.96	25.24
GT	23.56	-4.88	23.27	16.59
GL	20.86	-3.31	24.74	19.04
PG	11.59	4.41	17.50	19.46
LG	8.01	8.37	7.74	14.93
AG	9.73	3.13	5.22	7.80
EG	7.98	6.28	-3.74	2.11
VG	20.86	6.53	2.92	8.68
CA	12.52	--	-2.03	9.75
CO	5.65	3.31	-0.64	2.12
CL	2.62	-3.09	0.34	-2.32
RG	25.55	-0.82	--	22.18
RA	23.81	4.03	22.53	--

#### DISCUSION Y CONCLUSIONES

Los resultados presentados, coinciden en general con lo obtenido por Shabana, 1974; Pathak, 1974 e Ivanon y Stoyanova, 1980, quienes trabajando en diferentes países con diversos materiales, obtienen valores de heredabilidad altos a intermedios para AP, PG, RG y DC.

Los valores de  $H^2$ , correspondientes a los caracteres AP y EI concuerdan con los obtenidos por Shabana, 1974 e Ivanon y Stoyanova, 1980, mientras que CA y RG mostraron una  $H^2$  algo mayor a la obtenida por Shabana, 1974 y Pathak. Las diferencias se deberían a la magnitud de la variancia genética ( $\sigma^2G$ ) debido a la diversidad de los genotipos utilizados, a la cantidad de variancia ambiental ( $\sigma^2GA$  y  $\sigma^2E$ ) descontada al ponderar por el número de ambientes (a) y repeticiones (r) empleadas y a la posible inclusión de residuales no descontados de  $\sigma^2GA$ , como parte de  $\sigma^2G$ .

Existen buenas posibilidades de éxito en el mejoramiento por selección para la mayoría de los caracteres estudiados, destacándose EI, CT, AH, AP, DT, GT, GL, CA, RG y RA por su alta  $H^2$ , CVG y relación CVG/CVE.

La importante cantidad de variancia de interacción GA para todos los caracteres indica la necesidad de evaluar los genotipos en una adecuada muestra de ambientes para su selección, en particular por los caracteres de ciclo IM y FM.

Los caracteres finales en la expresión de la planta como RG y RA junto con AP presentaron las mayores estimaciones de AGD luego de su selección.

Los bajos AGI de CA representan una ventaja en la selección de los otros caracteres (incluso RG) la cual no afectaría demasiado los valores de CA.

La selección indirecta de RG y RA por caracteres morfológicos sería muy eficiente por ser fácilmente visibles a campo, previo a la cosecha y con respuestas superiores a las que se obtendrían por selección directa de RG y RA.

El más promisorios sería DC ya que se lograrían importantes AGI con pequeños aumentos en DC, variable motivo de selección.

#### BIBLIOGRAFIA

FALCONER, D.S. 1964. Introducción a la Mejora Genética de las Plantas. Ed. Cia. Editorial Continental S.A. Mexico.

HANSON, CH.; ROBINSON, H.F. and COMSTOCK, R.E. 1956. Biometrical Studies of Yield in Segregating Population of Korean Lespedeza. Agron.J.48:268-272.

HANSON, W.D. 1963. Heritability. In HANSON, W.D. and ROBINSON, H.E. Ed. Statistical Genetics and Plant Breeding. Washington D.C., National Academy of Sciences. Pp.125-139. Pub.982.

IVANON, P. and STOYANOVA, Y. 1980. Studies on the Genotypic and Phenotypic Variability and some Correlations in Sunflower (Helianthus annuus L.). Proc. IX Int. del Girasol. T I:336-342.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F. and COMSTOCK, R.E. 1955. Estimates of Genetic of Environmental Variability in Soybeans. Agron.j.47(7):314-318.

PATHAK, R.S. 1974. Yield Components in Sunflower. Proc. 6th. Int. Sunf. Conf. Romania. Pp.271-281.

SHABANA, R. 1974. Genetic Variability of Sunflower Varieties and Inbred Lines. Proc. 6th. Int. Sunf. Conf. Romania. Pp.263-269.

SOKAL, R.R. and ROHLF, R.O. 1969. Biometry. Freeman and Co. San Francisco.