



**69ª Reunião Anual da  
SBAS  
21º SEAGRO**

Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

## **Dissimilaridade genética e componentes de variância em genótipos de linhaça dourada e marrom**

Tiago Olivoto<sup>1\*</sup>, Carlos Eduardo Forcelini Assoni<sup>2</sup>, Lalesca Dadam Gomes<sup>2</sup>, Luiz Paulo da Silva<sup>2</sup>, Matheus Lopes Machado<sup>2</sup>, Kenji da Cruz Konno<sup>2</sup>, Isabela Martins Ghizoni<sup>2</sup>, Maria Laura Faustino Monteiro<sup>2</sup>, Kamilly Vitória Siqueira Tonet<sup>2</sup>, Leonardo Talavera Campos<sup>3</sup>, Analu Mantovani<sup>4</sup>

### **Resumo**

A linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma cultura de crescente interesse agrônomo e funcional, com aplicações na alimentação humana, animal e na indústria. Apesar do seu potencial, a produção de linhaça no Brasil ainda é limitada, reflexo da escassez de cultivares adaptadas e do baixo investimento em pesquisa e desenvolvimento. Para contribuir com o avanço dessa cultura, o Núcleo de Estudos e Pesquisas em Experimentação e Melhoramento Vegetal (NEPEM) iniciou um programa de melhoramento genético de linhaça no litoral sul do Brasil. Neste trabalho, avaliou-se a diversidade fenotípica e os componentes de variância de 40 genótipos oriundos de duas populações contrastantes (Dourada e Marrom), conduzidos em delineamento de blocos aumentados, utilizando a cultivar ST PIONEIRA como testemunha. Foram mensurados dez caracteres agrônômicos, e as análises estatísticas foram realizadas por meio de modelos lineares mistos. As herdabilidades em sentido amplo ( $H^2$ ) variaram de 0,485 a 0,837, com valores elevados para altura de planta ( $H^2 = 0,837$ ) e número de cápsulas ( $H^2 = 0,701$ ), indicando bom potencial de resposta à seleção. A variância intra-genotípica foi próxima de zero para a maioria das características, refletindo boa uniformidade fenotípica. A análise de agrupamento evidenciou variabilidade genética, mesmo se tratando de um painel com genótipos avançados, subsidiando a escolha estratégica de genótipos para cruzamentos dirigidos, como G69, G93 e G145 (Dourada), e G72, G13, G29 e G4 (Marrom). Os resultados demonstram o potencial do programa em gerar cultivares superiores e adaptadas às condições brasileiras, contribuindo para o fortalecimento da cadeia produtiva da cultura no país.

**Palavras-chave:** *Linum usitatissimum* L.; alimento funcional; análise multivariada; melhoramento vegetal.

<sup>1</sup> Docente do Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina.

<sup>2</sup> Discente do curso de Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina.

<sup>3</sup> Pós-doutorando, PPG/RGV, Universidade Federal de Santa Catarina.

<sup>4</sup> Docente da Universidade do Oeste de Santa Catarina, Câmpus Campos Novos-SC.

\* Autor correspondente: tiago.olivoto@ufsc.br



**69ª Reunião Anual da  
SBPE  
21º SEAGRO**

Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

## 1 INTRODUÇÃO

A linhaça é a semente do linho (*Linum usitatissimum* L.), uma planta herbácea pertencente à família Linaceae, reconhecida por seus diversos benefícios à saúde humana e por suas múltiplas formas de utilização. Os grãos de linhaça vêm sendo amplamente empregados com fins medicinais e nutracêuticos na alimentação humana sendo especialmente conhecidos por seus efeitos antitumorais contra os cânceres de mama, cólon e pulmão, em razão da abundância de lignanas liberadas após a ingestão e da presença de ácidos graxos  $\alpha$ -linolênicos (CALADO et al., 2018).

Atualmente, a linhaça é cultivada em aproximadamente 65 países, com destaque para os continentes asiático e europeu. No Brasil, a cultura da linhaça teve maior expressão nas décadas de 1960 a 1980, quando a área plantada ultrapassava os 50 mil hectares, com produção de aproximadamente 30 mil toneladas. A partir desse período, a expansão do cultivo de trigo contribuiu para a expressiva redução da área cultivada. Atualmente, o cultivo de linhaça no Brasil está restrito a cerca de 12 mil hectares, com produção anual de ~12,9 mil toneladas, sendo o estado do Rio Grande do Sul responsável por praticamente toda essa produção (LÚCIO et al., 2021).

Embora esforços recentes tenham sido direcionados ao desenvolvimento de novas cultivares (CARVALHO et al., 2023), o número de materiais registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) ainda é bastante limitado — apenas 13 cultivares. Essa baixa disponibilidade de materiais adaptados, homogêneos e estáveis configura-se como um dos principais entraves à expansão da cultura no país. Assim, a reduzida produção nacional, quando comparada aos principais países produtores, parece estar diretamente associada à escassez de investimentos em pesquisa e extensão voltados ao fomento do cultivo de linhaça.

Diversos estudos têm revelado a existência de variabilidade genética suficiente para promover ganho genético em características agronômicas relevantes (MARTINS et al., 2020). Diante da heterogeneidade observada entre os materiais cultivados em campo e da produtividade aquém do esperado — especialmente tratando-se de uma espécie predominantemente autógama —, levanta-se a hipótese de que a seleção individual com teste de progênie seja uma estratégia eficaz para a identificação de genótipos superiores de linhaça.

Com base nessa premissa, o Núcleo de Estudos e Pesquisas em Experimentação e Melhoramento Vegetal (NEPEM) iniciou, em 2022, um programa de melhoramento genético de linhaça voltado às condições edafoclimáticas do litoral sul do Brasil, explorando a variabilidade genética existente em populações originais (ASSONI et al., 2024; BUSTAMANTE et al., 2022; HADA JUNIOR et al., 2024; TROIS et al., 2023). Por meio da seleção intra-populacional, o programa já dispõe de um painel com aproximadamente 40 genótipos promissores. Nas etapas iniciais, têm-se utilizado análises multivariadas como ferramentas estatísticas robustas, com ampla aplicabilidade em programas de melhoramento genético (MEIRA et al., 2019). Essas análises permitem quantificar a variabilidade genética — aspecto fundamental para o sucesso da seleção —, bem como identificar padrões de agrupamento entre genótipos. Tais



informações são essenciais para a definição de cruzamentos direcionados, visando à complementariedade genética para caracteres de interesse agrônomo.

Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivos (i) explorar a diversidade genética entre os genótipos de linhaça com base em análises multivariadas e (ii) estimar a magnitude das componentes de variância fenotípica, subsidiando decisões estratégicas no programa de melhoramento do NEPEM, especialmente na identificação de genitores promissores para cruzamentos dirigidos.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no município de Campos Novos – SC, durante a safra agrícola de 2024. Foram avaliados 40 genótipos de linhaça (*Linum usitatissimum* L.), oriundos de duas populações contrastantes denominadas Dourada e Marrom. O ensaio foi instalado em delineamento de blocos aumentados, com cinco repetições da cultivar ST PIONEIRA utilizada como testemunha comum aos blocos. Cada unidade experimental tinha três linhas de 2 metros, espaçadas em 0,5 m.

No momento da colheita, quatro plantas foram amostradas aleatoriamente em cada unidade experimental, das quais foram mensurados dez caracteres agrônômicos relacionados à morfologia e ao rendimento de grãos por planta, à saber: altura de planta (AP, cm), altura de capsula (AC, cm), comprimento produtivo (CP, cm, calculado como a diferença entre AP e AC), número de ramificações (NR), massa de cápsulas (MC), massa de grãos (MG), número de cápsulas (NC), número de grãos (NG), massa de mil grãos (MMG) e índice de Colheita de Cápsulas (ICC).

As análises foram conduzidas no ambiente R, utilizando o pacote lme4 (BATES et al., 2015) para ajuste de modelos lineares mistos e estimação dos componentes de variância, considerando o seguinte modelo:

$$y_{ijk} = \mu + b_j + g_i + gp_{ik} + e_{ijk}$$

Onde  $y_{ijk}$  é a observação da planta k do genótipo i no bloco j,  $\mu$  - média geral;  $b_j$  é o efeito fixo do bloco j;  $g_i$  é o efeito aleatório do genótipo i;  $gp_{ik}$  é o efeito aleatório da planta k dentro do genótipo i e  $e_{ijk}$  é erro aleatório associado à observação  $y_{ijk}$ . Um teste de razão de máxima verossimilhança foi também conduzido utilizando a função `ranova()` do pacote `lmerTest` (KUZNETSOVA; BROCKHOFF; CHRISTENSEN, 2017) para testar se os componentes de variância podem ser considerados estatisticamente diferentes de zero.

A partir dos componentes de variância, a herdabilidade em sentido amplo  $H^2$  foi estimada considerando a seguinte equação:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gp}^2}{n_p} + \frac{\sigma_e^2}{n_p n_r}}$$



**69ª Reunião Anual da  
SBSEAGRO  
21º SEAGRO**

*Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável*

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

Onde  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica;  $\sigma_{gp}^2$  é a variância de planta dentro de genótipo;  $\sigma_e^2$  é a variância residual;  $n_p$  é o número de plantas amostradas dentro de cada genótipo e  $n_r$  é o número de repetições.

A análise de agrupamento foi conduzida separadamente para cada população (Dourada e Marrom), utilizando os dez caracteres avaliados. A matriz de dissimilaridade foi obtida com base na distância euclidiana, e os agrupamentos foram realizados pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com a função `clustering()` do pacote `metan` (OLIVOTO; LÚCIO, 2020). Os dendrogramas foram gerados com a função `fviz_dend()` do pacote `factoextra` (KASSAMBARA; MUNDT, 2020), sendo o número de clusters definido pelo método de Mojena (MOJENA, 1977). A manipulação e apresentação gráfica dos resultados foram realizadas com os pacotes do `tidyverse` (WICKHAM et al., 2019).

### 3 RESULTADOS

O rendimento de grãos por planta variou de próximo de 0 a 17,3 gramas (Figura 1a). A maior amplitude intra-genotípica foi observada para a testemunha comercial (ST\_PIONEIRA). Em termos de médias, observou-se valores que foram de 0,12 g por planta (G54) até 5,27 g por planta (G13). Essa diferença foi estatisticamente comprovada na análise de deviance, onde o componente de variância genotípico foi significativo ( $p < 0,05$ ) para todos os dez caracteres avaliados. A herdabilidade em sentido amplo ( $H^2$ ) variou de 0,485 a 0,837 (Figura 1b), indicando diferentes magnitudes de controle genético entre os caracteres analisados. Os maiores valores de herdabilidade foram obtidos para altura de planta ( $H^2 = 0,837$ ), altura da cápsula ( $H^2 = 0,811$ ), número de cápsulas ( $H^2 = 0,701$ ) e massa de mil grãos ( $H^2 = 0,657$ ). Por outro lado, os menores valores de  $H^2$  foram observados para comprimento produtivo (CP;  $H^2 = 0,485$ ), massa de grãos (MG;  $H^2 = 0,518$ ) e índice de colheita de cápsulas (ICC;  $H^2 = 0,553$ ). A variância dentro de genótipos ( $\sigma_{g(p)}^2$ ) foi praticamente nula para a maioria dos caracteres avaliados, sugerindo uma uniformidade intra-genotípica.



**69ª Reunião Anual da  
SBP  
21º SEAGRO**

*Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável*

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

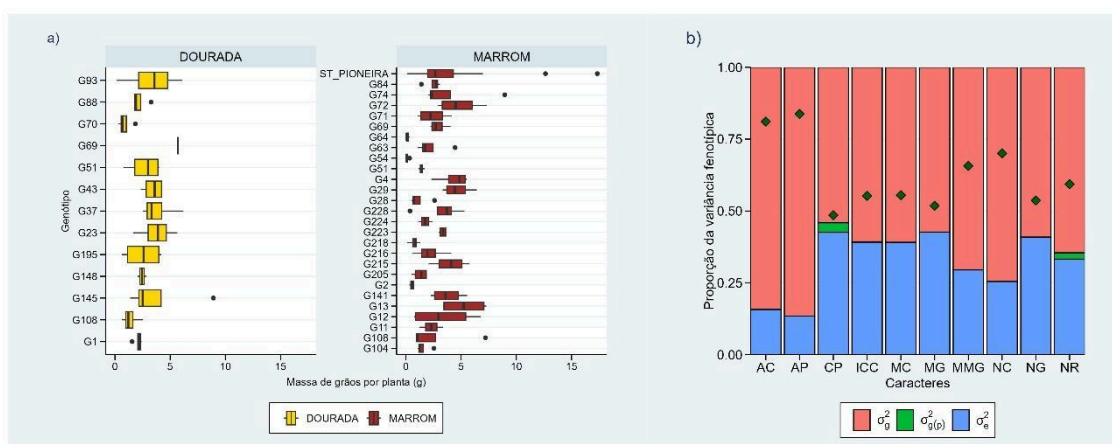


Figura 1. Boxplot para o rendimento de grãos por planta (a); e contribuição dos componentes de variância para a variância fenotípica (b). Neste gráfico, o losango verde mostra a herdabilidade no sentido amplo do caractere.

A análise de agrupamento revelou a formação de três grupos em cada tipo de linhaça. No painel de linhaça dourada, o genótipo G69 apresentou maior dissimilaridade em relação aos demais, formando um grupo isolado (Figura 2a). O G108 e G70 constituíram um segundo agrupamento, também relativamente distante dos demais genótipos. O terceiro grupo concentrou a maior parte dos materiais, indicando maior similaridade fenotípica entre esses genótipos.

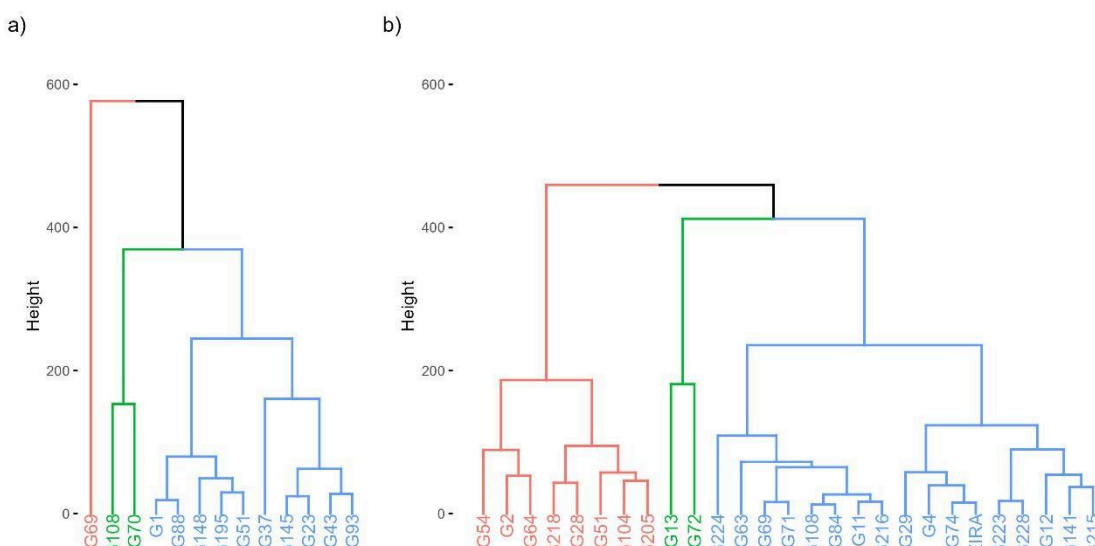


Figura 2. Dendrogramas obtidos pelo método UPGMA com base na distância Euclidiana para genótipos de linhaça Dourada (a) e Marrom (b), considerando dez caracteres agrônômicos. As cores indicam a formação de grupos genéticos distintos entre os genótipos avaliados.



**69ª Reunião Anual da  
RBraS  
21º SEAGRO**

*Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável*

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

No painel de linhaça marrom (Figura 2b), o primeiro agrupamento incluiu genótipos como G54, G2 e G218, caracterizados por sua relativa similaridade. O segundo grupo agrupou os genótipos G13 e G72, que se destacaram por maior dissimilaridade em relação ao restante da população. O terceiro grupo (em azul) foi o mais numeroso e incluiu a testemunha comercial (ST\_PIONEIRA), sendo o G74 o genótipo mais similar com esse material de referência.

## **4 DISCUSSÃO**

Os valores mais elevados de  $H^2$  observados para altura de planta (AP) e número de cápsulas por planta (NC), indicando que esses caracteres apresentam maior proporção da variância fenotípica atribuída aos efeitos genéticos. Isso sugere que ambos são altamente responsivos à seleção direta, sobretudo em fases iniciais do programa de melhoramento. A altura de planta, além de sua relevância para a arquitetura da planta, é um caráter de interesse para sistemas voltados à produção de fibras, enquanto o número de cápsulas representa um importante componente do rendimento de grãos, sendo, portanto, um caractere-alvo desejável para seleção. Os valores de  $H^2$  mais baixas observadas para MG são condizentes com estudos anteriores, que encontraram  $H^2$  de 0,41 para esse caractere (YOU et al., 2017). Apesar disso, os valores de  $H^2$  ainda são considerados satisfatórios (acima de 0,5), reforçando o potencial de progresso genético mesmo para esses caracteres, especialmente quando associados a estratégias de seleção em ambientes controlados ou repetidos.

Os valores praticamente nulos de variância intra-genotípica, são altamente desejáveis em programas de melhoramento com espécies autógamas, como a linhaça. Essa baixa variabilidade entre plantas do mesmo genótipo reflete boa uniformidade fenotípica, indicando que os materiais avaliados são geneticamente estáveis e expressam suas características de forma consistente. Tal uniformidade é desejável tanto para fins de recomendação comercial quanto para utilização desses materiais como genitores em cruzamentos dirigidos.

A análise de agrupamento evidenciou que, apesar das populações serem compostas majoritariamente por genótipos avançados, ainda há **variabilidade genética** suficiente para ser explorada por meio da seleção. A presença de genótipos fenotipicamente distintos em ambas as populações — como G69, G93 e G145 na Dourada, e G72 e G13 na Marrom — reforça o potencial de identificação de materiais superiores. Essa variabilidade remanescente é essencial para sustentar o avanço genético em ciclos subsequentes do programa de melhoramento. No entanto, para que o programa seja sustentável, é urgente a ampliação da variabilidade genética por meio de cruzamentos.

No geral, os resultados deste estudo fornecem subsídios relevantes para a condução do programa de melhoramento genético da linhaça, contribuindo para a geração de populações com maior variabilidade e para o desenvolvimento de cultivares superiores adaptadas às condições do Sul do Brasil.



**69ª Reunião Anual da  
RBras  
21º SEAGRO**

*Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável*

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

## **5 REFERÊNCIAS**

ASSONI, C. E. F. et al. A influência da época de semeadura em caracteres agronômicos e nutracêuticos de linho (*Linum usitatissimum*, L.) cultivado na região litorânea de Santa Catarina. 68a Reunião Anual da RBras. Anais...68a Reunião Anual da RBras, 2024.

BATES, D. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1–48, 7 out. 2015.

BUSTAMANTE, F. R. M. et al. Evolução da área foliar de duas cultivares de linho revelada pelo modelo Logístico. 66a Reunião Anual da RBras. Anais...Florianópolis: LIVRO DE RESUMOS DA 66ª REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBras), 2022.

CALADO, A. et al. The Effect of Flaxseed in Breast Cancer: A Literature Review. **Frontiers in Nutrition**, v. 5, n. 4, p. 1–7, fev. 2018.

CARVALHO, I. R. et al. CISJU21 - New flax cultivar with yield and phenotypic stability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, p. e44262324, 14 ago. 2023.

CLOUTIER, S. et al. Development and analysis of EST-SSRs for flax (*Linum usitatissimum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 119, n. 1, p. 53–63, 9 jun. 2009.

FU, Y.-B. Geographic Patterns of RAPD Variation in Cultivated Flax. **Crop Science**, v. 45, n. 3, p. 1084–1091, 1 maio 2005.

HADA JUNIOR, D. F. et al. A paleta genética da linhaça: um mergulho na diversidade de cor auxiliado por métodos multivariados. 68a Reunião Anual da RBras. Anais...68a Reunião Anual da RBras, 2024.

HOQUE, A.; FIEDLER, J. D.; RAHMAN, M. Genetic diversity analysis of a flax (*Linum usitatissimum* L.) global collection. **BMC Genomics**, v. 21, n. 1, p. 557, 14 ago. 2020.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. , 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=factoextra>>

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models. **Journal of Statistical Software**, v. 82, n. 13, p. 1–26, 6 dez. 2017.

LÚCIO, A. D. et al. Histórico, usos e importância econômica da linhaça. Em: VELHO, J. P.; LÚCIO, A. D. (Eds.). Linhaça: Perspectivas de produção e usos na alimentação humana e animal. Ponta Grossa - PR: Atena, 2021. p. 1–9.



**69ª Reunião Anual da  
RBras  
21º SEAGRO**

*Estatística e Ciência de Dados  
a serviço do Desenvolvimento Sustentável*

**Vitória - ES**

**4 a 8 de agosto de 2025**

---

MARTINS, A. P. DE O. et al. Consumer behavior of organic and functional foods in Brazil. **Food Science and Technology**, v. 40, n. 2, p. 469–475, 1 abr. 2020.

MEIRA, D. et al. Estimates of genetic parameters between and within black oat populations. **Bragantia**, v. 78, n. 1, p. 43–51, 11 fev. 2019.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359–363, 1977.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783–789, 2020.

TROIS, A. M. et al. Desempenho agrônômico do linho em diferentes épocas de semeadura. 67a RBras e 20o SEAGRO. Anais...Londrina - PR: 2023.

WICKHAM, H. et al. Welcome to the Tidyverse. **Journal of Open Source Software**, v. 4, n. 43, p. 1686, 2019.

YOU, F. M. et al. Genetic Variability of 27 Traits in a Core Collection of Flax (*Linum usitatissimum* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 8, 21 set. 2017.