

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E ESTUDO DE CORRELAÇÕES EM GIRASSOL

José Luiz da Silva¹; Márcia Marise de Freitas Cação²; Marco Antônio Aparecido Barelli³ e
Juliana Parisotto Poletine¹

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agronômicas, Campus Regional de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR.

E-mail: joseluiz.agro@hotmail.com; jppoletine@uem.br

²APTA, APTA Regional, Unidade Regional de Pesquisa e Desenvolvimento de Assis. Rodovia SP 333 (Assis-Marília) km 397, CEP 19.805-000, Assis, SP. E-mail: marcia.rodrigues@sp.gov.br

³Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Faculdade de Ciências Agro-Ambientais, Av. São João, s/nº, CEP 78200-000, Cáceres, MT. E-mail: mbarelli@unemat.br

RESUMO: O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma oleaginosa pertencente à família Asteraceae, utilizada para o consumo humano, de animais e também como plantas ornamentais. Destaca-se como a quarta oleaginosa em produção de aquênios e a quinta em área cultivada no mundo. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar a divergência genética de nove genótipos de girassol, SYN 045, BRS 323, BRS G46, BRS G52, BRS G54, BRS G55, BRS G61, BRS G62 e BRS G67 pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa de Soja e proceder a estudos de correlação. O experimento foi realizado no período compreendido entre setembro de 2018 e março de 2019, na Fazenda Experimental da Universidade Estadual de Maringá, Campus Regional de Umuarama. Os tratamentos foram dispostos em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições e as características avaliadas foram: estande final de plantas, número de dias para a floração inicial, número de dias para a maturação final; altura da planta; curvatura do capítulo, diâmetro do capítulo; número de plantas quebradas; número de plantas acamadas, rendimento de aquênios por parcela, umidade dos aquênios, massa de mil aquênios e teor de óleo. Realizou-se a análise de variância e as médias de cada tratamento foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Posteriormente, foram tomadas as estimativas dos principais parâmetros genéticos para a caracterização da variabilidade genética e cálculo das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais e respectivas significâncias pelo teste t a 5% de probabilidade. As análises foram realizadas com auxílio do Programa Computacional Genes. Os resultados obtidos permitiram concluir que há variabilidade genética para todas as características analisadas, permitindo a seleção de materiais genéticos superiores, sendo os genótipos estudados alocados em três grupos distintos. Correlações genéticas significativas e positivas foram observadas entre o rendimento de grãos e os caracteres: florescimento inicial, maturação inicial, altura de plantas e diâmetro do capítulo, podendo ser utilizados na seleção indireta visando ao desenvolvimento de novos genótipos com alto potencial produtivo.

PALAVRAS-CHAVE: Agrupamento, *Helianthus annuus* L., seleção indireta.

GENETIC DIVERGENCE AND CORRELATION STUDIES IN SUNFLOWER

ABSTRACT: Sunflower specie (*Helianthus annuus* L.) is an oilseed belonging to Asteraceae family, used for human and animal consumption and also used for biodiesel production. It is classified as the fourth oilseed in grain production and the fifth in cultivated area in the world. The present study objectified to characterize the genetic divergence of nine sunflower genotypes belonging to Germplasm Bank of Embrapa-National Soybean Research Center and proceed to correlation studies. The experiment was carried out in field conditions, from

September, 2018 to March, 2019, at Experimental Farm belonging to Maringa State University, Umuarama Regional Campus. Treatments were arranged in a randomized complete blocks design with four replications and the following characteristics were evaluated: final stand, number of days for the initial flowering, number of days for the final maturation; plant height; chapter curvature, chapter size; number of broken plants; number of camped plants, grain yield per plant, grain moisture, weight of 1,000 achenes and oil content. Variance analysis was performed and averages of each treatment were clustered by Scott-Knott test at 5% probability. Subsequently, the estimates of main genetic parameters were estimate to characterize genetic variability and calculation phenotypic, genotypic and environmental correlations and its respective significances by “t” test at 5% probability. All analysis were performed by using Gene’s computational program. Obtained results allowed concluding that there is genetic variability for all characteristics studied, allowing the selection of higher genetic materials, being target genotypes allocated in three distinct groups. Significant and positive genetic correlations were observed between grain yield and the following characters: number of days for initial flowering, number of days for initial maturation, plant height and chapter diameter, and may be used in indirect selection for development of new genotypes with high productive potential.

KEY WORDS: Clustering, *Helianthus annuus* L., indirect selection.

INTRODUÇÃO

O girassol é uma planta que possui importância econômica, devido à produção de óleo de alta qualidade extraído de seus aquênios. O óleo produzido é muito bem visto, podendo ter um bom valor comercial, apresentando teores de ácidos linolêicos que ajudam a reduzir o colesterol diminuindo o risco de doenças cardiovasculares (Dalchiavon et al., 2016).

A cultura se destaca como a quarta oleaginosa em produção de grãos e a quinta em área cultivada no mundo, apresentando resistência à seca, ao frio e ao calor, além de ser pouco influenciada pela latitude, altitude e fotoperíodo, em relação à maioria das espécies normalmente cultivadas no Brasil (Castro et al., 1997).

Apesar das características naturais da planta em relação à capacidade de desenvolvimento em diferentes regiões, devem-se avaliar materiais com o objetivo de identificar genótipos com melhor adaptabilidade de produção em diferentes locais (Oliveira et al., 2017).

A variabilidade genética de diversas espécies vegetais gerou diversos estudos visando à seleção e combinação de genitores para a formação de híbridos que atendam aos requisitos do mercado, ou até mesmo para a formação de novas populações que apresentem determinado nível de segregação oriundas do cruzamento destes genótipos dentro do processo de melhoramento genético (Bertini et al., 2009). Nesse aspecto, por exemplo, Arshad et al., (2007) avaliaram a variabilidade genética em plantas de girassol, levando em conta,

características como altura de planta, tamanho de flores, teor de óleo, quantidade de massa fresca produzida assim como tolerância à seca e salinidade.

Poletine et al., (2012) estudando híbridos de girassol verificaram a existência de variabilidade genética para as características agronômicas avaliadas rendimento de aquênios e tamanho do capítulo, as quais contribuíram significativamente na divergência genética observada. Entretanto, para massa de 1000 aquênios e altura de plantas não se verificou diferença significativa.

A seleção de genótipos que apresentam desempenho satisfatório nas diversas condições de cultivo para características de interesse é algo difícil, devido principalmente à influência que o ambiente exerce nesses materiais, devendo-se dedicar maior atenção aos materiais que possa ter uma melhor adaptação a cada região (Cruz e Regazzi, 1994).

De acordo com Amorin et al., (2008), em um estudo com a cultura do girassol, a correlação quantifica a associação entre duas variáveis quaisquer. Portanto, não permite inferências sobre causa e efeito, impossibilitando o conhecimento de qual tipo de associação governa o par de caracteres (Furtado et al., 2002).

Em girassol, alguns trabalhos têm sido realizados com o objetivo de estimar a correlações entre diferentes características agronômicas, assim como verificar suas respectivas significâncias a fim de tornar possível a realização de seleção antecipada e indireta (Joksimovic et al., 1999; Teklewold et al., 2000; Chikkadevaia et al., 2002; Wani, 2004; Manivannan et al. 2005; Vidhyavathi et al., 2005; Farhatullah e Khalil, 2006; Hladni et al., 2006 e Nobre et al., 2018). Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar a variabilidade genética, e estimar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres agronômicos chave na cultura do girassol.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Campus Regional de Umuarama – Universidade Estadual de Maringá, região noroeste do estado conhecida como Arenito Caiuá, com coordenadas geográficas: 23°47'22,37"S; 53°15'29,98"O e altitude de 401m. O solo da área experimental caracteriza-se como Latossolo Vermelho Distrófico típico (Embrapa, 2013), tendo sido cultivado com nabo forrageiro na safra 2017/2018 (pH (CaCl₂): 5,8). O clima é o subtropical úmido mesotérmico, conforme classificação de Köppen (1948), do tipo Cfa. A semeadura foi realizada manualmente dia 25 de setembro de 2018, em condições ideais de umidade do solo e a emergência total das plantas foi verificada em 30 de setembro.

Nove genótipos foram estudados (Tabela 1), dispostos em um Delineamento em Blocos Casualizados, com quatro repetições. Cada genótipo foi semeado em uma parcela de 4 linhas de 6,0 metros de comprimento, espaçadas de 0,70 m, com distância entre plantas de 0,30m. Foram colocadas três sementes por cova e a densidade de semeadura ficou entre 40.000 a 45.000 plantas por hectare. Realizou-se o desbaste, sete dias após a emergência, deixando-se uma planta por cova, com área útil da parcela de 7,0 m².

Tabela 1 - Genótipos de girassol avaliados no experimento e empresa obtentora (Umuarama, PR/2018 - 2019)

Nº. Genótipo	Nome Genótipo	Empresa Obtentora
1	SYN 045	Syngenta
2	BRS 323	Embrapa Soja
3	BRS G46	Embrapa Soja
4	BRS G52	Embrapa Soja
5	BRS G54	Embrapa Soja
6	BRS G55	Embrapa Soja
7	BRS G61	Embrapa Soja
8	BRS G62	Embrapa Soja
9	BRS G67	Embrapa Soja

Além da adubação utilizada na semeadura 400 kg^{ha}⁻¹ de N- P-K (10-15-15) procedeu-se à aplicação de adubação cobertura com 300 kg^{ha}⁻¹ de N- P-K (20-00-20) e 12 kg^{ha}⁻¹ de ácido bórico em 21/10/2018.

O controle de plantas daninhas foi realizado manualmente e houve aplicação de inseticida a base de Tiametoxam e Lambda-cialotrina em 10/10 e 27/11/2018 para o controle de pragas. Os capítulos foram cobertos com sacos de proteção TNT para impedir o ataque de pássaros. A colheita de cada parcela foi realizada manualmente, entre os dias 15 de janeiro e 12 de fevereiro de 2019. As duas linhas centrais foram colhidas (área útil), eliminando-se 0,50m de cada extremidade.

As seguintes características foram avaliadas:

1. Estande final (STD): número de plantas na área útil, por ocasião da colheita.
2. Data da floração inicial (FLOR): quando 50% das plantas na parcela apresentaram pétalas amarelas (R4). R4 caracteriza-se por apresentar as primeiras flores liguladas que, freqüentemente, são de cor amarela.
3. Data de maturação fisiológica (MAT): quando 90% das plantas da parcela apresentaram capítulos com brácteas de coloração entre amarelo e castanho (30% de umidade nos aquênios).

4. Altura da planta (ALT): em cm, obtida por meio da média de 10 plantas na área útil, medidas em plena floração. A altura foi tomada do nível do solo até a inserção do capítulo. Floração plena (R5.5) – 50% das flores do capítulo estavam abertas.
5. Curvatura do capítulo (CC): avaliação visual, conduzida de acordo com a escala de classificação proposta por Knowles (1978).
6. Diâmetro do capítulo (DCA): em cm, obtido através da média de 20% das plantas representativas, na área útil da parcela, medidas no ponto de maturação fisiológica. Utilizou-se fita métrica.
7. Número de plantas quebradas (NPQ): por ocasião da colheita na área útil.
8. Número de plantas acamadas (NPA): por ocasião da colheita, na área útil. Considerou-se plantas acamadas aquelas que apresentaram um ângulo $> 45^\circ$ em relação à vertical.
9. Rendimento de aquênios (REND): em g por parcela, obtido na área útil da parcela.
10. Umidade dos aquênios (UMI): medida por ocasião da pesagem dos aquênios para que se pudesse proceder à correção do rendimento de aquênios para a umidade padrão de 11%.
11. Massa de mil aquênios (MMA): expresso em gramas.
12. Teor de óleo (OLEO): expresso em porcentagem.

Após a colheita e debulha dos experimentos, uma amostra de aquênios de cada parcela foi retirada e moída para a realização da análise química do teor de óleo (OLEO). Estas análises foram realizadas no Laboratório de Análises Físico-Químicas da Embrapa Soja, em Londrina – PR, pela metodologia de NIR (análise de refletância no infravermelho próximo), utilizando o instrumento NIR System 6500 com curvas de calibração desenvolvidas no próprio laboratório.

Os dados de precipitação pluviométrica durante todo o ciclo da cultura constam na Tabela 2, onde se verifica que não houve necessidade de irrigação, uma vez que no mês de setembro (semeadura) a precipitação pluviométrica foi de aproximadamente 173 mm e durante todo o ciclo ultrapassou 1000 mm, apresentando-se razoável, já que 700 mm bem distribuídos durante o ciclo já é suficiente para o desenvolvimento da cultura (Castro, 1997).

Para cada caráter, foi feita a análise de variância a 5% de probabilidade e as médias comparadas pelo teste de Scott e Knott (1974) também a 5%. Para fins de comparações

múltiplas, os efeitos de genótipos foram considerados como fixos. Além dessas análises, também foram estimados parâmetros que pudessem auxiliar na caracterização da divergência genética entre os materiais, como componentes da variância genética, herdabilidade e índice de seleção. Após procedeu-se à construção da matriz de dissimilaridade genética e dendograma para melhor visualização da distância genética entre os grupos formados. As análises foram realizadas com o aplicativo estatístico-computacional Genes (Cruz, 2013).

Tabela 2 - Precipitação pluviométrica verificada em Umuarama (PR), no período de setembro de 2018 a fevereiro de 2019

Mês/Ano	Valores do decêndio (mm)			
	01-10	11-20	21- 31	Total mensal
Setembro/2018	44,7	94	34	172,7
Outubro/2019	97,5	103,1	143,3	343,9
Novembro/2018	54	60,5	54,4	168,9
Dezembro/2018	1,0	22,6	92	115,6
Janeiro/2019	32,6	54,9	21,4	108,9
Fevereiro/2019	9,0	51,4	59,0	119,4
Total	238,8	386,5	404,1	1029,4

Fonte: Instituto de Águas do Paraná.

Durante o processo de análise estatística e melhor ajuste dos modelos, optou-se pelo descarte das características: estande inicial (STD), curvatura do capítulo (CC), número de plantas quebradas (NPQ), número de plantas acamadas (NPA) e umidade dos grãos (UMI). As estimativas dos parâmetros genéticos foram calculadas com base nas esperanças dos quadrados médios entre os tratamentos (Tabela 3).

Tabela 3 - Esquema da análise de variância e esperanças de quadrados médios entre os genótipos de girassol

FV	GL	QM	F	E(QM)
Blocos	r-1			
Genótipos	g-1	QMG	QMG/QMR	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$
Resíduo	(r-1)(a-1)	QMR		σ^2
Total	rg-1			

Fonte de variação (FV), Graus de liberdade (GL), Quadrado médio (QM), Estatística Fischer (F), Estimativa dos componentes de variância (E).

onde:

$$SQB = \frac{1}{g} \sum_{j=1}^b Y_{.j}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQG = \frac{1}{b} \sum_{i=1}^g Y_i.^2 - \frac{Y..^2}{gb}$$

$$SQT = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^b Y_{ij}^2 - \frac{Y..^2}{gb}$$

$$SQR = SQg - SQb - SQg$$

Foram estimadas também as variâncias:

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

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

Além dos coeficientes de variação genotípica e experimental e o índice de variação:

e) Coeficiente de variação genotípica:

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

f) Coeficiente de variação experimental:

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

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

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

A variabilidade genética entre as cultivares e híbridos foi estimada empregando-se análise multivariada com base na distância generalizada de *Mahalanobis*, realizando-se a análise de agrupamento de Tocher (Rao, 1952), com auxílio do Programa Computacional Genes (Cruz, 2013). A distância generalizada de *Mahalanobis*, Mahalanobis (1936) é obtida por meio da equação:

$$[X_a - X_b]' \cdot S^{-1} \cdot [X_a - X_b]$$

Em que: “a” e “b” é a distância entre os indivíduos; X_a é o vetor de caracteres do indivíduo “a”; X_b é o vetor de caracteres do indivíduo “b” e “S” é a matriz de variância amostral da população (Streck et al., 2017).

Para a análise de agrupamento, optou-se por utilizar o método proposto por *Tocher*, o qual se caracteriza por formar o par de indivíduos inicial mais similar a partir da matriz de dissimilaridade. Desta matriz, avalia-se a possibilidade de incluir mais indivíduos, com a premissa de que a distância média dentro do grupo deve ser menor que a distância média entre grupos. O método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*) leva em consideração as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade. Este método agrupa os indivíduos em um processo que vai se repetindo em vários níveis, até que se forme um diagrama de árvore, ou dendograma (Puiatti et al., 2014).

Depois de formadas a matriz de distâncias genéticas obteve-se o diagrama de árvore, através do método UPGMA. Para que houvesse o ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o

dendograma, calculou-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC) (Sokal e Rohlf, 1962), por meio da fórmula:

$$CCC = \frac{C\hat{o}v(F, C)}{\sqrt{V(F)V(C)}}$$

O Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA) e o dendograma foram obtidos pelo programa computacional R (Team, 2012).

Como mencionado, estimou-se também as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais, objetivando uma predição relacionada à seleção. E, conforme citam Cruz et al. (2012), a associação da correlação entre caracteres pode ser mensurada a partir de medidas entre caracteres, podendo ser avaliada a correlação genética. Para estimar os coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e de ambiente entre os dois caracteres (X e Y), recomendando as análises individuais e a soma dos valores de X e Y, de tal forma que os produtos médios (covariância), possam ser associados a cada fonte de variação.

$$Cov(X, Y) = \frac{V(X + Y) - V(X) - V(Y)}{2}$$

Em que as covariâncias são dadas por:

a) Covariância Fenotípica:

$$C\hat{o}V_F(X, Y) = \frac{PMG(X, Y)}{r}$$

b) Covariância Genotípica:

$$C\hat{o}V_G(X, Y) = \hat{\Phi}_g(X, Y) = \frac{PMG(X, Y) - PMR(X, Y)}{r}$$

c) Covariância de Ambiente:

$$CoV_A(X, Y) = PMR(X, Y)$$

Após determinar a esperança do produto médio das fontes de variação, através da fórmula:

$$PMg(X, Y) = \frac{QMg(X + Y) - QMg(X) - QMg(Y)}{2}, e$$

$$PMr(X, Y) = \frac{QMr(X + Y) - QMr(X) - QMr(Y)}{2}$$

Correlação Fenotípica:

$$r_F = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMR_X \cdot QMR_Y}}$$

Correlação de Ambiente:

$$r_A = \frac{PMR_{XY}}{\sqrt{QMR_X \cdot QMR_Y}}$$

Correlação Genotípica:

$$r_G = \frac{(PMG_{XY} - PMR_{XY}) / r}{\sqrt{\hat{\Phi} g_X \cdot \hat{\Phi} g_Y}} = \frac{\hat{\Phi} g_{(X,Y)}}{\sqrt{\hat{\Phi} g_X \cdot \hat{\Phi} g_Y}}$$

Foi empregado o método de Estimadores de Correlação Simples, realizado pelo teste “t”, para determinar a correlação fenotípica, e o método de *bootstrap* com 5000 simulações para determinação do coeficiente de correlação genética e ambiental.

Para classificação da magnitude das correlações, adotou-se a classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2012) de acordo com a magnitude das correlações, dividindo nas seguintes classes: 0,0 a 0,19 – muito fraca; de 0,20 a 0,39 – fraca; de 0,40 a 0,69 – moderada; de 0,70 a 0,89 – forte; e de 0,90 a 1,00 – muito forte.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

São apresentadas as significâncias dos Quadrados Médios e principais parâmetros genéticos para as sete características de interesse avaliadas no experimento na Tabela 4. Observa-se que, a 5% de probabilidade, houve diferença estatística para todos os genótipos em todas as variáveis, indicando a existência de variabilidade genética e possível sucesso com a seleção. Os coeficientes de variação CVe (%) variaram de 0,76 a 10,67 indicando segura precisão experimental, segundo classificação proposta por Carvalho et al., (2003), Pimentel-

Gomes (2009), Dalchiavon et al., (2016) e Birck et al., (2017), e foram similares aos obtidos em outros trabalhos correlatos (Backes et al., 2008; Grunvald et al., 2008, 2014; Porto et al., 2008; Silva et al., 2009; Nobre et al., 2012; Carvalho et al., 2015).

Para as significâncias dos quadrados médios, resultados semelhantes com a cultura do girassol e também no município de Umuarama foram observados por Poletine et al., (2012; 2013). Uma vez que houve diferenças ($p < 0,05$) entre os genótipos pelo teste F, existe a necessidade de realização de teste de média para sua discriminação. A Tabela 5 contempla o agrupamento de médias pelo teste de Scott–Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 4 - Resumo da ANOVA, média e estimativa dos parâmetros genéticos para dias para florescimento inicial (FLOR), dias para maturação final (MAT), altura de plantas (ALT), diâmetro do capítulo (DCA), massa de 1000 aquênios (MMA), rendimento de aquênios por parcela (REND) e teor de óleo (OLEO) de nove genótipos de girassol (Umuarama – PR, 2019)

F.V								
	GL	FLOR	MAT	ALT	DCA	MMA	REND	OLEO
Tratamentos	8	33,94*	31,09*	1729,7*	11,58*	255,7*	233.326*	18,16*
Blocos	3	0,18	0,07	640,25	19,22	66,09	61027,4	0,31
Resíduo	24	0,19	0,47	95,67	4,84	45,43	9548,68	0,53
Média		58,58	78,22	152,14	23,06	71,82	915,58	42,06
CVe (%)		0,76	0,88	6,43	9,54	9,39	10,67	1,73
σ^2_g		8,43	7,65	408,51	1,68	52,57	55944,33	4,41
σ^2_a		0,19	0,47	95,67	4,84	45,43	9548,68	0,53
h^2 (%)		99,42	98,49	94,47	58,17	82,83	95,81	97,07
CVg (%)		4,96	3,54	13,28	5,63	10,10	25,83	4,99
CVg/Cve		6,55	4,04	2,07	0,59	1,08	2,43	2,88

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; CVe (%) = coeficiente de variação experimental; σ^2_g = variância genética; σ^2_a = variância ambiental; h^2 (%) = herdabilidade; CVg (%) = coeficiente de variação genética; CVg/Cve = índice de seleção.

Pelos resultados apresentados, observa-se que para a característica dias para o florescimento (FLOR), os genótipos que se destacaram foram aqueles com menor média, visto que os programas de melhoramento genético buscam materiais precoces. Houve a formação de seis grupos (Tabela 5) com BRS G54 apresentando o menor número de dias para o florescimento (55 dias). Analogamente, para o número de dias para a maturação final (MAT), três grupos foram formados, novamente destacando-se BRSG54.

Para as características dias para florescimento inicial (FLOR) e dias para maturação final (MAT), foram observadas médias de aproximadamente 58 e 78 dias, respectivamente. Os resultados aqui obtidos concordam com os observados por Poletine et al., (2012; 2013) e Hiolanda et al., (2018).

A média de altura de plantas (ALT) foi de 152,13 cm, com variação entre SYN 045 (185,00cm) e BRS G67 (120,00 cm). Plantas com portes reduzidos facilitam a aplicação de defensivos agrícolas, bem como tendem a reduzir o acamamento e quebramento em condições adversas de clima, minimizam as perdas de colheita mecanizada e proporcionam maior sustentação ao capítulo (Leite et al., 2005). Apenas três grupos foram constituídos pela análise de Scott–Knott. O porte baixo também é desejável por facilitar os tratos culturais, e a precocidade facilita a adequação da época de semeadura dentro do sistema de produção das regiões de cultivo (Dalchiavon et al., 2016).

Tabela 5 - Média de dias para florescimento inicial (FLOR), dias para maturação final (MAT), altura de plantas (ALT), diâmetro do capítulo (DCA), massa de 1000 aquênios (MMA), rendimento de aquênios por parcela (REND) e teor de óleo (OLEO) de nove genótipos de girassol (Umuarama – PR, 2019)

Genótipos	FLOR	MAT	ALT	DCA	MMA	REND	OLEO
	Dias	Dias	Cm	Cm	Gramas	g pc ⁻¹	%
SYN 045	62,75 a	82,00 a	185,00 a	25,05 a	80,97 a	1050,00b	46,80 a
BRS 323	57,50d	77,25b	150,00b	24,78 a	85,35 a	827,50c	42,48b
BRS G46	57,00d	76,75b	143,00b	23,50 a	76,57 a	812,50c	39,73c
BRS G52	57,00d	76,50b	146,25b	21,10b	67,63b	697,50d	43,00b
BRS G54	55,00f	75,00c	140,00b	23,25 a	62,05b	792,50c	42,40b
BRS G55	58,25c	77,00b	142,50b	23,23 a	65,44b	1052,50b	42,10b
BRS G61	62,00b	82,00 a	160,00b	24,13 a	65,38b	1000,25b	41,73b
BRS G62	62,00b	81,50 a	182,50 a	22,80 a	75,00 a	1407,50 a	40,25c
BRS G67	55,75e	76,00c	120,00c	19,75b	67,90b	600,00d	40,10c
MÉDIAS	58,58	78,22	152,13	23,06	71,81	915,58	42,06
CV(%)	0,76	0,88	6,43	9,54	9,39	10,67	1,73

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5%.

Segundo Nobre et al., (2012), em experimento realizado no Norte de Minas Gerais utilizando a cultivar M 734, o MAT foi de 52 dias e a ALT de 160,00cm. Tais dados são inferiores aos obtidos no presente trabalho, o que pode ser explicado, possivelmente pela interação genótipo x ambiente (G x A) significativa, como mencionado por Zobiole et al., (2010). Para os híbridos BRS G46 e SYN 045 a ALT (cm) foi em média de 185,00 e 143,00 respectivamente. Tais dados foram superiores aos obtidos por Hiolanda et al., (2018), ao trabalhar com os mesmos genótipos, na principal região produtora de girassol no Brasil (Chapadão do Parecis, MT), em condições de segunda safra.

Em trabalhos semelhantes conduzidos por Amorim et al., (2008), os autores observaram FLOR médio de 68 dias e ALT média de 124,00 cm. Dalchiavon et al., (2016) estudando o híbrido SYN 045 encontraram MAT = 94 dias e ALT = 188,00cm, resultados semelhantes aos obtidos na presente pesquisa (Tabela 5). É importante mencionar que, provavelmente, as diferenças encontradas são razão da influência ambiental sobre a expressão das características até então discutidas (Carvalho et al., 2012; Nobre et al., 2012).

O diâmetro do capítulo – DCA, em média, foi de 23,06 cm, com variação entre 25,05 cm (SYN 045) e 19,75 (BRS G67) (Tabelas 4 e 5) e os menores valores foram obtidos nos materiais BRS G52 e BRS G67. Os resultados aqui observados concordam com os observados por Carvalho et al., (2011), com genótipos de mesma base e testados em Campo Verde – MT e foram superiores aos obtidos por Hiolanda et al., (2018). Amorin et al., (2008) e Rigon et al., (2012) observaram valores médios de 11,00 e 20,05cm, respectivamente para DCA. Apesar das diferenças observadas, os valores estão dentro dos limites de variação desta característica (10 – 30 cm), de acordo com Castro e Farias (2005), em revisão realizada sobre a variação de características agrônômicas em girassol. O agrupamento de Scott-Knott revelou a formação de dois grupos distintos (Tabela 5).

Para a massa de mil aquênios (MMA), o valor médio foi de 71,82 gramas. A cultivar BRS 323 apresentou o maior valor (85,35 g), seguida por SYN 045 (80,97 g) (Tabela 5). Tais resultados foram muito superiores aos obtidos por Hiolanda et al., (2018), quando os autores estudaram os mesmos genótipos, mas em diferentes condições ambientais. Silva et al., (2011), obtiveram média de 85,00 g para o híbrido M 734 o qual possui mesma base genética dos materiais aqui testados. Os capítulos de girassol bem desenvolvidos tendem a ter maior proporção de grãos grandes e pesados, e esses grãos têm tempo para o enchimento, possibilitando maior aporte de nutrientes (Alkio et al., 2003; Castro e Farias, 2005).

Com relação às variáveis diretamente ligadas à produtividade: massa de 1000 aquênios (MMA) e rendimento em gramas por parcela (REND) houve a formação de dois e três grupos respectivamente, confirmando a existência de divergência genética entre os materiais. Para MMA, destacaram-se SYN 045 e BRS 323, que nesse estudo são considerados pela Embrapa/CNP Soja como testemunhas e BRS G46 e BRS G62.

Para o rendimento médio de aquênios (gramas parcela⁻¹) (REND), rendimento expressivo foi alcançado pelo material BRS G62, produtividade média de 1407,50 gramas parcela⁻¹ ou 2011 kg ha⁻¹, diferindo estatisticamente de todos os demais genótipos estudados. A média geral produtividade, envolvendo todos os genótipos, foi de 915,58 gramas parcela⁻¹ ou 1308,6 kg ha⁻¹ (Tabelas 4 e 5). A produtividade média de grãos obtida pelos materiais no

presente ensaio foi inferior à produtividade média nacional para a safra 2018/2019 (1588 kg ha⁻¹), segundo dados da CONAB (2018). Os valores aqui obtidos corroboram os relatados por Dalchiavon et al., (2016) e Hiolanda et al., (2018), foram superiores aos obtidos por Amorin et al., (2008) e inferiores aos relatados por Rigon et al., (2012) reforçando a necessidade e importância dos estudos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e avaliação e seleção de híbridos e variedades de girassol por meio da Rede de Ensaios de Avaliação de Genótipos de Girassol (Porto et al., 2007).

Os teores de óleo (OLEO) dos genótipos variaram de 39,73% (BRS G46) a 46,80% (SYN 045) (Tabela 5), com média 42,06% (Tabela 4). Estatisticamente, BRS G46 foi semelhante aos híbridos BRS G62 e BRS G67, com BRS G62 apresentando o maior rendimento médio (1407,50g pc⁻¹). Os dados obtidos confirmam a tendência de correlação não significativa entre produtividade de grãos e teor de óleo, concordando com os resultados obtidos por Dalchiavon et al., (2016), assunto que será discutido com maior detalhes no decorrer deste item. As porcentagens do teor de óleo encontradas no presente trabalho corroboram as observadas por Castro e Farias (2005), Amorin et al., (2008), Dalchiavon et al., (2016). Para esta característica, considerada chave para a cultura do girassol, o agrupamento de Scott-Knott alocou os genótipos em três grupos, com destaque para SYN 045. Resultados semelhantes para materiais de base genética semelhante, no município de Umuarama, estado do Paraná foram obtidos por Poletine et al., (2012; 2013).

Na cultura do girassol, algumas indústrias esmagadoras de grãos bonificam lotes com teores de óleo acima de 40%, depreciando aqueles com valores inferiores (Carvalho et al., 2015). Neste contexto, dentre os genótipos estudados, apenas BRS G46 não seria destinado ao mercado de óleo.

Com relação aos parâmetros genéticos de interesse, ainda na Tabela 4, observa-se que para todas as características, exceto DCA, a variância genética foi superior à variância ambiental, o que trás como consequência, altos valores de herdabilidade, como nas variáveis FLOR e OLEO, com MMA e DCA evidenciando os valores mais inferiores (82,83 e 58,17%) respectivamente. Além da 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 (Rigon et al., 2012). As definições e expressões dos coeficientes de herdabilidade e do coeficiente de variação genética têm por base os trabalhos de Namkoong (1979), Vencovsky e Barriga (1992) e Resende (2002).

Desse modo, o CVg dá idéia sobre a proporcionalidade do ganho em relação à média no caso de seleção, e a relação $CVg/Cve > 1$ indica situação favorável à seleção. Dentre as variáveis, todas apresentaram potencial para ganhos genéticos sob seleção, exceto DCA, o que sugere o descarte desta característica para fins de ganho de seleção ($CVg/Cve = 0,59$).

Em relação à divergência genética (Tabela 6), pode ser verificada a matriz de dissimilaridade entre os nove genótipos de girassol a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{ii}). Com base nos sete caracteres agronômicos estabelecidos é possível visualizar que a maior distância foi observada entre os genótipos 5 e 8 (BRS G54 e BRS G62 respectivamente) (541,134), ou seja mais dissimilares e a menor foi observada entre os genótipos 2 (BRS 323) e 4 (BRS G52) (13,6052), geneticamente mais próximos.

Tabela 6 - Medidas de dissimilaridade entre nove genótipos de girassol a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* com base em sete caracteres agronômicos (Umuarama – PR, 2019)

Genótipo	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,000	250,913	352,406	292,269	534,578	233,213	64,842	139,973	470,934
2		0,000	20,073	13,605	74,591	22,201	163,610	271,416	43,947
3			0,000	28,106	64,952	26,501	195,884	279,209	18,792
4				0,000	42,865	32,250	200,113	327,352	32,314
5					0,000	98,779	394,348	541,134	31,127
6						0,000	120,836	193,446	64,150
7							0,000	46,897	299,897
8								0,000	421,178
9									0,000

O agrupamento de *Tocher* propôs a formação de três grupos, demonstrando bom grau de diversidade genética, possibilitando identificar genótipos com características agronômicas complementares (Tabela 7). Da mesma forma, em estudos com híbridos de girassol, Amorim et al. (2007), Vogt et al. (2010) e Rigon et al., (2012) observaram a formação de três grupos utilizando a mesma metodologia. A distribuição dos grupos foi concordante com o distanciamento proposto pela matriz de dissimilaridade de *Mahalanobis*, tanto para os conjuntos mais similares como para os mais divergentes.

De acordo com o método de otimização de *Tocher*, é possível verificar por meio dos *clusters* (Tabela 7) que, geneticamente, os materiais 2, 3, 4, 5, 6 e 9 pertencem ao mesmo grupo e teoricamente não divergem entre si (Grupo I). De forma similar, os genótipos 7 e 8 constituem o Grupo II. Entretanto, o genótipo 1 (SYN 045) isolou-se em um último grupo

(Grupo III). Poletine et al. (2012) estudando genótipos de girassol no município de Umuarama também verificaram o posicionamento do híbrido SYN 045 em grupo distinto.

Tabela 7 - Agrupamentos de genótipos de girassol de acordo com o método de otimização de Tocher (Umuarama – PR, 2019)

Grupos	Genótipos	Frequência (%)
I	2, 3, 4, 5, 6 e 9	66,67
II	7 e 8	22,22
III	1	11,11

As dissimilaridades podem ser utilizadas em esquemas de hibridação e/ou seleção, com o objetivo de incorporar as características favoráveis em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens, a partir desses grupos, disponibilizando maior variabilidade no melhoramento genético da cultura do girassol (Borges et al., 2010; Rigon et al., 2012).

Como a maior distância foi observada entre os genótipos 5 e 8 (541,134), em programas de melhoramento genético envolvendo a cultura do girassol, recomenda-se a hibridação envolvendo genótipos de ambos os grupos (I e II), entre linhagens que possuam características dos progenitores, possibilitando assim maior resposta heterótica. Conforme cita Cruz (2005), o estabelecimento de grupos homogêneos com heterogeneidade entre grupos é um ponto de partida nos programas de melhoramento vegetal. O melhoramento com extração de linhagens a partir de cultivares melhoradas é mais favorável, pois esses materiais já possuem alta proporção de locos favoráveis, além de serem anteriormente testados em vários ambientes (Amorim e Souza, 2005).

A Figura 1, a seguir, representa o dendograma do método hierárquico de ligação simples por vizinho mais próximo ou UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*), com base na dissimilaridade estimada a partir de sete características morfoagronômicas. A árvore esquemática confirma a formação dos três grupos distintos, reforçando o que foi observado nos dados descritos na Tabela 7.

No método hierárquico, a escolha final de grupos é feita de forma subjetiva, pois os conglomerados são reunidos no dendograma conforme a altura (eixo x) correspondente ao nível de similaridade, podendo ser indicados outros métodos para a determinação do número de grupos (Migoti, 2005). Entretanto, apesar de procedimentos distintos, houve concordância na distribuição dos indivíduos perante agrupamento anteriormente expresso pelo método de Tocher. Esses dados corroboram Camarano et al., (2010) e Rigon et al., (2012) os quais, analisando genótipos de girassol, observaram que o método de Tocher e UPGMA foram concordantes.

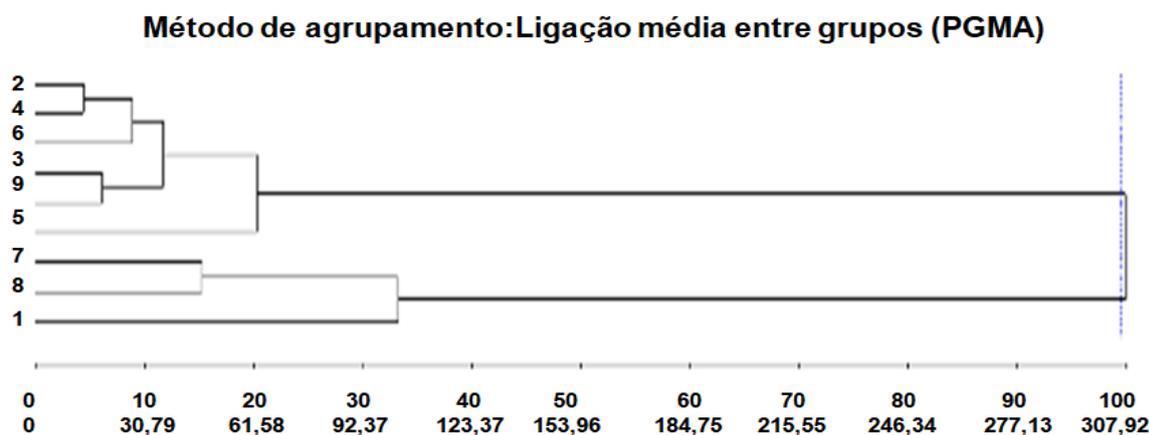


Figura 1 - Dendrograma do agrupamento dos genótipos de girassol, pelo método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de sete características morfoagronômicas (Umuarama – PR, 2019).

A determinação do coeficiente de correlação cofenética tornou-se confiável e de ótima representatividade, com valor de $CCC = 0,836$, correspondendo à correlação forte entre a matriz das distâncias e as distâncias dos genótipos no dendrograma. O mesmo número de grupos foi obtido por Rigon et al., (2012), trabalhando com a cultura do girassol, porém o coeficiente de correlação foi de magnitude moderada (0,721).

De acordo com a Tabela 8 pode-se verificar as estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (63 no total), os quais variaram de 0,9881 a 0,1984; 0,9933 a 0,1946 (sem diferença no sinal) e 0,4656 a -0,0024, respectivamente, com diferença no sinal, na direção e na magnitude das correlações ambientais, para a maioria dos caracteres avaliados.

Foi adotada a classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2012) para a determinação da magnitude das correlações. Do total de 21 correlações fenotípicas, apenas 28,57% foram significativas pelo teste t, independente da significância estatística (1 ou 5%). Sendo apenas 9,52% consideradas muito fortes; 23,81% fortes; 38,09% moderadas; 23,81% fracas e 4,76% muito fracas. Na porcentagem acumulada das correlações, temos 71,42% das correlações fenotípicas classificadas entre moderadas e muito fortes. As correlações fenotípicas possuem causas genéticas e ambientais, porém somente as associações de natureza genética são herdáveis. Assim, a correlação fenotípica tem pouco valor prático, devendo ser desmembrada em causas de origem genética e de ambiente (Vencovsky e Barriga, 1992).

Em relação às correlações fenotípicas e genotípicas, verificou-se uma grande similaridade entre os pares de características, em relação ao sentido e à magnitude das

correlações (Tabela 8). Em razão dessa similaridade e do maior valor prático nos trabalhos de melhoramento, somente as correlações genotípicas serão analisadas com maior detalhe.

A correlação genotípica apresentou grande relação com a fenotípica, pelo método de *Bootstrap* com 5000 simulações, para a maioria das correlações, exceto para REND e OLEO (0,1946 e 0,7288, respectivamente). Entre as correlações genéticas e ambientais ocorreram diferença nos sinais para 28,57% das combinações, neste caso indicando que as causas de variação genética e ambiental influenciaram os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (Falconer, 1987). Na classificação genotípica 14,29% foram consideradas muito fortes; 38,09% fortes; 38,09% moderadas; 4,76% fracas e 4,76% muito fracas como também proposto por Carvalho et al., (2004). Na porcentagem acumulada, 90,47% enquadraram-se entre moderada e muito forte.

Segundo Falconer (1987) em função do conhecimento dos valores genotípicos e fenotípicos dos indivíduos é possível estimar a correlação entre os valores genotípicos das características dos indivíduos e a correlação entre os desvios, em virtude do ambiente e, então, analisar as causas da correlação genética e ambiental, separadamente.

O caráter florescimento apresentou correlação muito forte e significativa a 1% de probabilidade com MAT (0,9933) e ALT (0,9333); forte e significativa a 5% de probabilidade para DCA (0,7385) e REND (0,8321) e moderada com MMA (0,4471) e OLEO (0,4912). Resultados pouco semelhantes foram obtidos por Amorim et al. (2008), os quais encontraram correlação negativa entre FLOR e REND e FLOR e OLEO. Entretanto, para FLOR e ALT houve concordância entre os dados obtidos.

Para a seleção de genótipos de girassol, os caracteres que apresentaram correlação forte à moderada são considerados de maior importância, pois a partir desses dados é possível selecionar materiais genéticos mais precoces de forma mais eficaz por meio da seleção indireta. De acordo com Ribeiro et al., (2001) através da seleção indireta pode-se alcançar ganhos genéticos se um ou mais caracteres apresentarem correlação genética favorável. Outros autores também encontraram resultados semelhantes (Patil et al., 1996; Doddamani et al., 1997).

Para a característica dias para a maturação final (MAT) observa-se correlação muito forte e significativa a 5% de probabilidade com ALT (0,9081); forte e significativa a 5% de probabilidade para DCA (0,7133) e REND (0,8034) e moderada com MMA (0,4531) e OLEO (0,4712). Tais dados encontrados no presente trabalho concordam parcialmente com os obtidos por Dalchiavon et al., (2016), onde os autores encontraram correlação positiva, muito

forte e significativa a 1% de probabilidade entre MAT e ALT (0,91**), além de positiva e moderada para MAT e REND (0,49) e positiva e fraca para MAT e OLEO (0,22).

Tabela 8 - Estimativas de coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os sete caracteres avaliados em nove genótipos de girassol (Umuarama, 2019)

CARACT ¹	R	MAT	ALT	DCA	MMA	REND	OLEO
	r_F	0,9881**	0,8912**	0,5131	0,3212	0,7865*	0,3726
FLOR	r_G	0,9933**	0,9333**	0,7385*	0,4471	0,8321*	0,4912
	r_E	0,3121*	0,0083	0,3538	-0,2407	0,0214	-0,0397
	r_F		0,8654**	0,4822	0,3133	0,7395*	0,3227
MAT	r_G		0,9081*	0,7133*	0,4531	0,8034*	0,4702
	r_E		0,0466	0,1775	0,1412	-0,0941	-0,1699
	r_F			0,6084	0,4577	0,8151**	0,4841
ALT	r_G			0,7533*	0,5823	0,8721**	0,6797
	r_E			0,4656*	0,4359*	0,4346*	0,0609
	r_F				0,4988	0,4577	0,4809
DCA	r_G				0,7541*	0,8108*	0,6668
	r_E				0,3309*	0,4095*	-0,1643
	r_F					0,1984	0,2541
MMA	r_G					0,3582	0,4883
	r_E					0,1893	-0,0024
	r_F						0,7288
REND	r_G						0,1946
	r_E						0,1653

¹Características: florescimento inicial (FLOR), dias para maturação final (MAT), altura de plantas (ALT), diâmetro do capítulo (DCA), massa de 1000 aquênios (MMA), rendimento de aquênios por parcela (REND) e teor de óleo (OLEO) de nove genótipos de girassol (Umuarama – PR, 2019). ** *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, método de *Bootstrap*.

Com relação à altura de plantas (ALT), houve correlação forte e significativa com DCA (0,7533*) e REND (0,8721**), além de moderada para MMA e OLEO. Tais dados

indicam que plantas mais altas tendem a apresentar maior diâmetro de capítulo e serem mais produtivas. Tais resultados concordam com os observados Hassan (2001).

O caráter diâmetro do capítulo (DCA) apresentou correlação forte e significativa a 5% de probabilidade para MMA (0,7541) e REND (0,8108), classificando – se como moderada quando correlacionada à OLEO (0,6668). Esses resultados corroboram com os obtidos por Lakshamanrao et al. (1985), Tyagi (1985), Hladni et al., (2006), Farhatullah e Khalil (2006) e Amorin et al., (2008). Assim, pode-se inferir que a seleção de material com maior diâmetro do capítulo e/ou massa de mil grãos, permitirá a obtenção de genótipos com boa produtividade. Tanto o DCA quanto MMA são características de fácil mensuração, sendo úteis na seleção indireta para produtividade (Amorin, et al., 2008). Correlações genotípicas positivas associadas à produtividade indicam que esses caracteres são os de maior importância na seleção de genótipos mais produtivos, por meio da utilização da seleção indireta (Cruz et al., 1994).

Para MMA e REND e MMA e OLEO as correlações genéticas foram classificadas como fraca (0,3582) e moderada (0,4883), respectivamente, ambas positivas e não significativas. Os dados aqui encontrados concordam com os obtidos por Amorin et al., (2008), ao constatarem que MMA e REND apresentaram correlação de moderada (0,55).

No caráter REND observou-se correlação genética muito fraca e não significativa entre este e OLEO (0,1946). Esses valores encontrados assemelham-se àqueles obtidos por Dalchiavon et al., (2016), quando os autores encontraram correlação da magnitude de 0,24 para tais caracteres. Assim, os autores comentam que o incremento da produtividade de um híbrido não pode ser atribuído ao aumento do teor de óleo, pois as correlações do teor de óleo com produtividade de grãos foram não significativas.

Os valores obtidos refletem em dificuldade para programa de melhoramento desta espécie oleaginosa, que poderá ocorrer quando forem desenvolvidos novos materiais genéticos por meio de seleção multivariada.

Outros autores observaram ainda correlação genética negativa para REND e OLEO, como por exemplo, Amorin et al., (2008) ($r = -0,20$). Hladni et al., (2006) observaram valores de correlação negativa entre teor de óleo e massa de mil grãos, e produtividade ($r = -0,85$ e $r = -0,71$ respectivamente). Tyagi (1985) também constatou correlação negativa entre teor de óleo e produtividade ($r = -0,19$).

Os autores Castro e Farias (2005) preconizam a existência de uma dinâmica contrária entre OLEO e MMA, em que os aquênios formados na periferia do capítulo são maiores e mais pesados que os formados no centro do capítulo, embora tenham menor teor. Isso deve

ocorrer porque os aquênios maiores, localizados na periferia, têm maior volume e superfície de casca e, por conseqüência, menor teor de óleo do que aqueles formados no centro do capítulo.

Uma vez que a maior parte das características de interesse na cultura do girassol são quantitativas e muito influenciadas pelo ambiente, estudos de correlações são necessários e pontuais, permitindo inferir sobre a possibilidade da seleção indireta para produtividade de grãos ou rendimento, utilizando como referência valores de diâmetro do capítulo e massa de mil aquênios.

CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética para todas as características analisadas, permitindo a seleção de materiais genéticos superiores, principalmente no florescimento inicial e teor de óleo (OLEO) de nove genótipos de girassol com altos valores de herdabilidade.

Nas condições deste estudo a hibridação envolvendo genótipos BRS G54, BRS G55, BRS G61, BRS G62 e BRS G67 em programas de melhoramento genético da cultura do girassol possibilita maior resposta heterótica.

Correlações genéticas significativas e positivas foram observadas entre a variável altura de plantas com diâmetro de capítulo e rendimento de aquênios por parcela, além de correlação moderada para massa de 1000 aquênios e teor de óleo. Conclui-se que plantas mais altas tendem a apresentar maior diâmetro de capítulo e serem mais produtivas, podendo inferir que a seleção de material com maior diâmetro do capítulo e/ou massa de mil grãos, permitirá a obtenção de genótipos com boa produtividade.

Os autores avaliam que as dificuldades dos programas de melhoramento de girassol poderão ser reduzidos quando forem desenvolvidos novos materiais genéticos por meio de seleção multivariada.

REFERÊNCIAS

ALKIO, M.; SCHUBERT, A.; DIEPENBROCK, W.; GRIMM, E. Effect of source-sink ratio on seed set and filling in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Plant, Cell & Environment**, Glasgow, v.26, n.10, p.1609-1619, 2003.

AMORIM, E.P.; SOUZA, J.C. Híbridos de milho inter e intra populacionais obtidos a partir de populações S₀ de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.561-567, 2005.

AMORIM, E.P., RAMOS, N.P., UNGARO, M.R.G., KIIHL, A.M.T. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n.6, p.1637-1644, 2007.

AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.; KIIHL, G.A.M. Correlações e análise de trilha em girassol. **Bragantia**, Campinas, v.67, p. 307-316, 2008.

ARSHAD, M.; ILYAS, M.K.; KHAN, M.A. Genetic divergence and path coefficient analysis for seed yield traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v.39, n.6, p. 2009-2015, 2007.

BACKES, R.L.; SOUZA, A.M. de; BALBINOT JUNIOR, A.A.; GALLOTTI, G.J.M.; BAVARESCO, A. Desempenho de cultivares de girassol em duas épocas de plantio de safrinha no Planalto Norte Catarinense. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, p.41-48, 2008.

BERTINI, C.H.C.M.; TEÓFILO, E.M.; DIAS, F.T.C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.40, n.1, p.99-105, 2009.

BIRCK, M.; DALCHIAVON, F.C.; STASIAK, D.; IOCCA, A.F.S.; HIOLANDA, R.; CARVALHO, C.G.P. Performance of sunflower cultivars at different seeding periods in central Brazil. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.41, n.1, p.42-51, 2017.

BORGES, R.M.E. et al. Phenotypic divergence among wine grape accessions in the semi-arid region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.10, n.3, p.260-265, 2010.

CAMARANO, L.F. et al. Genotypic divergence among sunflower populations. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.40, n.1, p.36-44, 2010.

CARVALHO, C.G.P.; OLIVEIRA, M.F.; ARIAS, C.A.A.; CASTIGLIONI, V.B.R.; VIEIRA, O.V.; TOLEDO, J.F.F. Categorizing coefficients of variation in sunflower trails. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.3, n.1, p.69-76, 2003.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária - UFPel, 2004. 141p.

CARVALHO, C.G.P.; GRUNVALD, A.K.; GONÇALVES, S.L.; GODINHO, V.P.C.; OLIVEIRA, A.C.B.; AMABILE, R.F.; RAMOS, N.P.; BRIGHENTI, A.M.; CARVALHO, H. W.L. **Informes da Avaliação de Genótipos de Girassol 2010/2011 e 2011**. Embrapa Soja. Brasil. (Documento 329). 2011.

CARVALHO, H.W.L.; OLIVEIRA, I.R.; CARVALHO, C.G.P.; LIRA, M.A.; FERREIRA, F.M.B; TABOSA, J.N.; RODRIGUES, C.S.; CASTRO, C.R.; MENESES, M.C.; SANTOS, M.L.. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de girassol no Nordeste brasileiro. **Revista Científica Rural**, Bagé, v.14, n.1, p.408-417, 2012.

CARVALHO, C.G.P.; OZAWA, E.K.M.; AMABILE, R.F.; GODINHO, V.P.C.; GONÇALVES, S.L.; RIBEIRO, J.L.; SEIFERT, A.L. Adaptabilidade e estabilidade de

genótipos de girassol resistentes a imidazolinonas em cultivos de segunda safra. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v.1, n.1, p.1-7, 2015.

CASTRO, C.; FARIAS, J.R.B. Ecofisiologia do girassol. In: LEITE, R. M. V. B.; BRIGHENTI, A.M.; CASTRO, C. (Ed). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. p.163-218.

CASTRO, C.; CASTIGLIONI, V.B.R.; BALLA, A.; LEITE, R.M.V.B.C.; KARAM, D.; MELLO, H.C.; GUEDES, L.C.A.; FARIAS, J.R.B. **A cultura do girassol**. Londrina: EMBRAPA - CNPSo, 1997. 36p. (Circular Técnica, 13).

CHIKKADEVAIA, H.; SUJATHA, H. L.; NANDINI, C. Correlation and path analysis in sunflower. **Helia**, Novi Sad, v.25, n.36, p.109-117, 2002.

CONAB. **Segundo Levantamento da Safra 2018/2019**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 01 dez. 2018.

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

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

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

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

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. Estudo sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.234, p.191-201, 1994.

DALCHIAVOL, F.C.; CARVALHO, C.G.P; AMABILE, R.F.; GODINHO, V.P.C.; RAMOS, N.P.; ANSELMO, J.L. Características agronômicas e suas correlações em híbridos de girassol adaptados à segunda safra. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.51, n.11, p.1806-1812, 2016.

DODDAMANI, I.K., PATIL, S.A.; RAVIKUMAR, R. L. Relationship of autogamy and self fertility with seed yield per plant and yield components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, Novi Sad, v.20, n.26, p.95-102, 1997.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos-CNPSo. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa SPI: Rio de Janeiro: Embrapa-CNPSo, 2013. 306p.

FARHATULLAH, F., KHALIL, I.H. Path analysis of the coefficients of sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids. **International Journal of agriculture and Biology**, Faisalabad, v.8, n.5, p.621-625, 2006.

FURTADO, M.R.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A.; COELHO, A.D. F.; PETERNELLI, L. Análise de trilha do rendimento do feijoeiro e seus componentes primários em monocultivo e

em consórcio com a cultura do milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.2, p.217-220, 2002.

GRUNVALD, A.K.; CARVALHO, C.G.P.; OLIVEIRA, A.C.B.; ANDRADE, C.A.B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol no Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.1483-1493, 2008.

GRUNVALD, A.K.; CARVALHO, C.G.P. de; OLIVEIRA, A.C.B.; PIRES, J.L.F.; CARVALHO, H.W. L.; OLIVEIRA, I.R. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de girassol convencional e alto oleico na Região Sul do Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v.57, p.217-223, 2014.

HASSAN, S.W. **Heritability, genetic correlations and predicted gains from S1 families in two random mated sunflower populations**. 2001. 186p. Thesis (Doctor of Philosophy). University of the Punjab, Lahore, Pakistan.

HIOLANDA, R.; DALCHIAVON, F. C.; BIEZUS, E.; IOCCA, A.F.S.; CARVALHO, C.G.P. Contributo para o estudo do desempenho agrônômico de híbridos na principal região produtora de girassol no Brasil (Chapadão do Parecis). **Revista de Ciência Agrárias**, Lisboa, v.41, n.1, p.14-22, 2018.

HLADNI, N.; SKORIC, D.; KRALJEVIC-BALALIC, M.; SAKAC, Z.; JOVANOVIC, D. Combining ability for oil content and its correlations with other yield components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, Novi Sad, v.29, n.44, p.101-110, 2006.

INSTITUTO DE ÁGUAS DO PARANÁ. **Sistema de informações Hidrológicas - Pluviometria**. Disponível em: <http://www.aguasparana.pr.gov.br/>. Acesso em: 15 jan. 2020.

JOKSIMOVIC, J.; ATLAGIC, J.; SKORIC, D. Path coefficient analysis of some oil yield components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, Novi Sad, v.22, n.31, p.35-42, 1999.

KNOWLES, P. E. Morphology an anatomy. In: CARTER, J.F. (Ed). **Sunflower science and technology**. Madison: ASA, 1978. P.55-88.

KÖPPEN, W. **Climatologia: Conunstudio de los climas de latierra**. México: Fondo de la cultura economica, 478p. 1948.

LAKSHAMANRAO, N.G.; SHAMBULINGAPPA, K.G.; KUSUMAKUMARI, P. **Studies on path-coefficient analysis in sunflower**. In: INTERNATIONAL SUNFLOWER CONFERENCE, 11., 1985, Mar del Plata. Proceedings... Paris: International Sunflower Association, 1985. p.733-735.

LEITE, R.M.V.B.C.; BRIGHENTI, A.M.; CASTRO, C. (Ed.). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. 613p.

MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings National Institute of Science**, Calcutá, v.2, n.1, p.49-55, 1936.

MANIVANNAN, N.; MURALIDHARAN, V.; SUBBALAKSHMI, B. Correlation analysis in sunflower. **Legume Research**, Karnal, v.28, n.1, p.71-73, 2005.

MINGOTI, S.A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada.** Uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 297p.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry.** Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342p. (Technical Bulletin, 1588).

NOBRE, D.A.C.; REZENDE, J.C.F.; BRANDÃO JUNIOR, D.S.; COSTA, A.C.; MORAIS, B.L.D. Desempenho agrônomo de genótipos de girassol no norte de Minas Gerais. **Revista Agroambiente Online**, Rorainópolis, v.6, n.2, p.140-147, 2012.

NOBRE, D.A.C.; SILVA, F.C.S.; GUIMARÃES, J.F.R.; RESENDE, J.C.F.; MACEDO, W.R. Análise de trilha e correlação canônica nos componentes do desempenho de girassol. **The Journal of Engineering and Exact Sciences**, Viçosa, v.4, n.3, p.1075-1084, 2018.

PATIL, B.R.; RUDRARADHYA, M.; VIJAYAKUMAR, C.H.M.; BASAPPA, H.; KULKARNI, R.S. Correlation and path analysis in sunflower. **Journal Oilseeds Research**, Delhi, v.13, p.157-161, 1996.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 15.ed. Piracicaba: Esalq, 2009. 451p.

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 morphoagronomic traits in Parana State. **African Journal of Agricultural Research**, Nairobi, v.7, n.45, p. 6054-6061, 2012.

POLETINE, P.J.; SAPIA, G.J.; MACIEL, G.D.C.. Parâmetros genéticos em híbridos de girassol nas condições de Arenito Caiuá. **Journal of Agronomic Science**, Umuarama, v.2, n.2, p.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. Brasília, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.4, p.491-499, 2007.

PORTO, W.S.; CARVALHO, C.G.P.; PINTO, R.J.B.; OLIVEIRA, M.F.; OLIVEIRA, A.C. B.. Evaluation of sunflower cultivar for central Brazil. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.65, p.139-144, 2008.

PUIATTI, G.A.; CECON, P.R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A.C.C.; FINGER, F.L.; PUIATTI, M.; SILVA, F.F.; SILVA, A.R. Comparação dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA no estudo de divergência genética em acessos de alho. **Revista da estatística UFOP**, Ouro Preto, v.3, edição especial, 2014.

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

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Woods Hole, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

SHIMAKURA, S.E.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J. 2012. **Estatística Descritiva**: interpretação do coeficiente de correlação. Departamento e Estatística da UFPR. Disponível em: <http://leg.ufpr.br/~ce003/ce003/node8.html>. Acesso em: 08 ago. 2019.

SILVA, A.G.; MORAES, E.B.; PIRES, R.; CARVALHO, C.G.P.; OLIVEIRA, A.C.B. Efeitos do espaçamento entrelinhas nos caracteres agronômicos de três híbridos de girassol cultivados na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.39, p.105-110, 2009.

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

STRECK, E.A.; AGUIAR, G.A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A.M.; FACCHINELLO, P.H.K.; OLIVEIRA, A.C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.48, n.1, p.101-109, 2017.

TEAM. **R Project for statistical computing**. R. Foundation for Statistical Computing, Viena, AT. URL. 2012. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 15 jan. 2019.

TEKLEWOLD, A.; JAYARAMAIAH, H.; JAGADEESH, B.N. Correlation and path analysis of physio-morphological characters of sunflower (*Helianthus annuus* L.) as related to breeding method. **Helia**, Novi Sad, v.23, n.32, p.105-114, 2000.

TYAGI, A.P. **Association and path analysis of yield components and oil percentage in sunflower** (*Helianthus annuus* L.). In: INTERNATIONAL SUNFLOWER CONFERENCE, 11., 1985, Mar del Plata. Proceedings... Paris: International Sunflower Association, 1985. p.807-812.

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

VIDHYAVATHI, R.; MAHALAKSHMI, P.; MANIVANNAN, N.; MURULIDHARAN, V. Correlation and path analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Agricultural Science Digest**, Kernal, v.25, n.1, p.6-10, 2005.

VOGT, G.A., BALBINOT JUNIOR, A.A., SOUZA, A.M. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte catarinense. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.11, n.4, p.307-315, 2010.

WANI, M.A. Correlation and regression studies in sunflower. **Advances in Plant Sciences**, Muzaffarnagar, v.17, n.1, p.329- 332, 2004.

ZOBIOLE, L.H.S.; CASTRO, C.; OLIVEIRA, F.A.; OLIVEIRA JÚNIOR, A. Marcha de absorção de macronutrientes na cultura do girassol. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 34, n.2, p.425-433, 2010.