



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA - UnB**  
**FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA - FAV**

**PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE  
GENÓTIPOS DE GIRASSOL NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL**

**ANA PAULA LEITE MONTALVÃO**

**MONOGRAFIA DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**Brasília-DF**  
**Junho/2016**

Universidade de Brasília - UnB  
Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária - FAV

Parâmetros genéticos e caracterização morfoagronômica de genótipos de girassol  
no Cerrado do Distrito Federal

Ana Paula Leite Montalvão  
Matrícula: 11/0024290

Orientador: Dr. Renato Fernando Amabile  
Embrapa Matrícula: 226006

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Fagioli  
UnB Matrícula: 10/35649

Projeto final de Estágio Supervisionado, submetido à Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, como requisito parcial para a obtenção do grau de Engenheira Agrônoma.

APROVADO PELA BANCA EXAMINADORA:

---

Pesquisador Dr. Alexei de Campos Dianese  
Embrapa Cerrados  
Examinador externo

---

Professor Dr. Marcelo Fagioli  
Universidade de Brasília - UnB  
Orientador

---

Pesquisador Dr. Renato Fernando Amabile  
Embrapa Cerrados  
Orientador

## FICHA CATALOGRÁFICA

M763p Montalvão, Ana Paula Leite.

Parâmetros genéticos e caracterização morfoagronômica de genótipos de girassol no Cerrado do Distrito Federal / Ana Paula Leite Montalvão. - Brasília, DF, 2016.

40 f.

Monografia (Graduação) - Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2016.

Orientação de Marcelo Fagioli; co-orientação de Renato Fernando Amabile.

1. *Helianthus annuus*. 2. Girassol. 3. Parâmetro genético. 4. Cerrado. I. Fagioli, Marcelo. II. Amabile, Renato Fernando. III. Título.

633.85098174 CDD 21

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

MONTALVÃO, A.P.L. **Parâmetros genéticos e caracterização morfoagronômica de genótipos de girassol no Cerrado do Distrito Federal**, 2016. 40f. Monografia (Graduação em Agronomia) - Universidade de Brasília - UnB, Brasília, 2016.

## CESSÃO DE DIREITOS

**Nome do Autor:** Ana Paula Leite Montalvão

**Título da Monografia de Conclusão de Curso:** Parâmetros genéticos e caracterização morfoagronômica de genótipos de girassol no Cerrado do Distrito Federal.

**Grau:** 3º **Ano:** 2016

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta monografia e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva-se a outros direitos de publicação e nenhuma parte desta monografia pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor.

---

Ana Paula Leite Montalvão

CPF: 730.907.511-00

Matrícula: 11/0024290

End.: Cond. Mansões Itaipu, Ch. 68, Jardim Botânico, Brasília-DF. CEP: 71680-373

Tel.: (61) 9276-4646 / (61) 3367- 0605

E-mail: [anapaulalubrbsb@gmail.com](mailto:anapaulalubrbsb@gmail.com)

## AGRADECIMENTOS

À minha mãe Nádía e irmã Maite por sempre estarmos unidas, por serem minha base, e pelo amor incondicional.

Ao meu orientador Dr. Renato Amabile pelas oportunidades, confiança, amizade, paciência, respeito e pela contribuição na minha formação profissional e pessoal.

Ao meu orientador Dr. Marcelo Fagioli pela motivação, disponibilidade, apoio e conhecimentos transmitidos essenciais para minha vida profissional e pessoal.

Ao Dr. Alexei Dianese por participar da minha banca examinadora.

À Universidade de Brasília e professores da FAV, em especial Professor Dr. José Ricardo Peixoto por seus ensinamentos e incentivo.

Ao melhor semestre com amigos para a vida toda, em especial Juliana Teles Cardoso, e toda a turma do Bola Murcha: Daniel Kudiess, Leandro Coimbra, Djane leite, Erick Sabino, Thalita Luzia, Igor Bacon, Guilherme Nogueira, Maíra Araújo, Karen Crystine, Lucas Prado, Diego Andrade, Rayssa Archeti, Kildery Reis (em memória), Lara Guedes, Pedro Fiorese, Mariana Barbosa, Lara Nesralla, Jasmin Teixeira, Tialine Zils, Catherine Mendes, Barabara Souza, Cassius Scolmeister, André Osório e todos os outros que fazem parte da minha vida.

A todos que de alguma forma contribuíram para essa tão sonhada e esperada conquista!!

## SUMÁRIO

RESUMO.....	III
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVO.....	1
2.1 Objetivos específicos .....	2
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	2
3.1 O girassol .....	2
3.2 O bioma Cerrado .....	4
3.3 O potencial do girassol no Cerrado .....	5
3.4 Parâmetros genéticos .....	6
3.4 Análise de componentes principais (ACP) .....	7
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	9
4.1 Local de desenvolvimento experimental .....	9
4.2 Delineamento experimental.....	9
4.3 Caracterização morfoagronômica .....	9
4.4 Avaliação de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais .....	10
4.5 Análise de componentes principais - ACP.....	11
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	11
5.1 Caracterização morfoagronômica .....	11
5.2 Avaliação de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais .....	15
5.3 Análise de componentes principais – ACP .....	18
6. CONCLUSÕES .....	26
7. REFERÊNCIAS.....	27

## Resumo

Atualmente, o girassol está entre as principais oleaginosas mais consumidas no mundo. Possui grande valor agrônomo e tem se mostrado apto para a região do Cerrado com rendimentos elevados. Neste trabalho objetivou-se avaliar e caracterizar morfoagronomicamente genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) em ambientes de Cerrado do Distrito Federal visando explorar a variabilidade genética existente para subsidiar seleção de genótipos. Foram conduzidos três ensaios sendo o primeiro na área experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina- DF, estabelecida a 15°35'57" de latitude sul, 47°42'38" de longitude oeste e a altitude de 1.007 m.; o segundo, na Fazenda Sucupira da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), no Recanto das Emas-DF, a 15°54'53" de latitude sul e 48°02'14" de longitude oeste, em uma altitude de 1.254 m, e o terceiro na Estação Ecológica da Universidade de Brasília, Fazenda Água Limpa (UnB), Vargem Bonita-DF a 15°56'00" de latitude sul e 47°55'00" de longitude oeste, em uma altitude de 1100 m. Foram avaliados 12 genótipos e verificados os caracteres: 1. Rendimento de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); 2. Tamanho do capítulo (cm); 3. Peso de mil aquênios (g); 4. Altura de plantas (cm); 5. Dias para floração inicial (DFI). Os resultados obtidos foram submetidos a análises de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância além das estimativas das variâncias genotípica, fenotípica e ambiental. Os coeficientes dos componentes principais foram obtidos pelos autovalores da matriz de correlação entre as medidas das variáveis morfoagronômicas realizadas por meio do programa estatístico computacional R (versão 3.2.2). Os altos valores de herdabilidade, coeficientes de variação genéticos e acurácia demonstram condições favoráveis à seleção dos materiais para as características agrônômicas avaliadas, com exceção da característica tamanho de capítulo. Na análise multivariada (ACP), os caracteres peso de mil aquênios, dias para floração inicial e altura foram comuns a todos os ambientes no primeiro componente. Houve uma tendência de agrupamento dos genótipos da Embrapa BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46, os quais possuem os mesmos parentais. Foi possível indicar o descarte da variável DFI em futuras análises deste grupo de genótipos no Cerrado do Distrito Federal.

## **1. INTRODUÇÃO**

Além de possuir vasta biodiversidade, o Cerrado é um ambiente de grande potencial agrícola, sendo importante para o desenvolvimento econômico do País. O girassol tem se mostrado apto para a região com rendimentos elevados e devido às características agrônômicas. Há uma crescente demanda do girassol pelo setor industrial e comercial, oferecendo perspectivas de aumento na área cultivada, principalmente na região Centro-Oeste (CASTRO e FARIAS, 2005; PORTO et al., 2008).

Atualmente, o girassol está entre as principais oleaginosas mais consumidas no mundo. Possui grande valor agrônômico, podendo ser utilizado o grão, o farelo e o óleo que por sua vez tem excelente qualidade industrial e nutricional (CASTRO et al., 1997), além de produzir matéria prima para energia renovável (PRADO; LEAL, 2006).

A planta é anual e possui grande potencial para estabelecer sistemas diversificados. Pela adaptabilidade, alta tolerância à seca, alto rendimento de grãos e óleo pode ser cultivada sob amplo espectro de condições ambientais (BLAMEY et al., 1987). Além disso, como exposto por Leite et al. (2005) a cultura apresenta baixa sensibilidade ao fotoperíodo, e desenvolve-se em várias latitudes e ambientes, fazendo com que exista a necessidade de adaptar o manejo dentro de um mesmo país visando máximas produções.

Nesse contexto é necessária a avaliação continuada de cultivares em diferentes ambientes, caracterizando os recursos genéticos, tendo em vista os atributos agrônômicos desejáveis para atender as exigências do sistema de produção e consolidar o girassol como opção econômica para o Cerrado.

## **2. OBJETIVO**

Avaliar e caracterizar morfoagronomicamente genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) em ambientes de Cerrado do Distrito Federal visando explorar a variabilidade genética existente para subsidiar a seleção de genótipos.

## 2.1 Objetivos específicos

- Caracterização morfoagronômica de genótipos de girassol em ambientes do Cerrado do Distrito Federal.
- Avaliar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de genótipos de girassol em diferentes zonas do Cerrado do Distrito Federal.
- Analisar os componentes principais de genótipos de girassol em locais do Cerrado do Distrito Federal.

## 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 3.1 O girassol

O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma dicotiledônea anual pertencente à família *Asteraceae*. O gênero *Helianthus* possui em torno de 49 espécies, sendo 12 espécies anuais e 37 perenes (UNGARO, 1990).

A planta possui um caule grosso, robusto e esverdeado. A altura das plantas pode variar de 40 cm a 3 m. As folhas são ovais, opostas, pecioladas, com nervuras visíveis e ásperas (VRÂNCEANU, 1977). O sistema radicular é pivotante, sendo formado por um eixo principal e raízes secundárias capazes de explorar um grande volume de solo e recursos hídricos. A flor, é uma inflorescência chamada capítulo, formada por um grande número de flores individuais, composto por pedúnculo floral, receptáculo, flores e invólucro (ROSSI, 1998).

É uma planta alógama, portanto, sua reprodução ocorre por cruzamento entre os indivíduos. Apesar de possuir flor completa, o girassol não realiza autofecundação, uma vez que as flores de girassol apresentam o fenômeno da protandria, isto é, as anteras amadurecem antes do estigma (VRÂNCEANU, 1977). Deste modo, a presença de polinizadores, principalmente abelhas, são imprescindíveis na produção de grãos (FREE, 1993).

O fruto, geralmente chamado de semente, é o órgão de maior importância econômica. É seco, do tipo aquênio, oblongo, achatado, composto pelo pericarpo (casca) e pela semente propriamente dita (polpa ou amêndoa) sendo variável quanto ao tamanho, cor e teor de óleo (PEIXOTO, 2004).

Seu cultivo ocorre em todos os continentes, com grande importância na economia mundial (FAOSTAT, 2016). Originário da América do Norte, foi trazido ao



Brasil no século XIX, na região Sul, sendo consumido por europeus que fabricavam uma espécie de chá (PELEGRINI, 1985). Segundo o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2016), a Ucrânia é atualmente a maior produtora dessa oleaginosa, podendo atingir 11,3 milhões de toneladas, seguida pela Rússia com mais de 9 milhões de toneladas e pela União Europeia, com aproximadamente 7,8 milhões de toneladas. Na América do Sul, destaca-se a Argentina com uma produção esperada de aproximadamente 3,1 milhões de toneladas (CONAB, 2016).

O girassol vem se sobressaindo no Brasil e de acordo com a estimativa para a safra 2015/16, a área cultivada será de 37 mil hectares, com uma produção de 59 mil toneladas e produtividade média nacional de girassol da ordem de 1.593 kg ha<sup>-1</sup> apresentando um significativo aumento em relação à safra 2014/15 (CONAB, 2016).

Por sua versatilidade, pode ser empregada como ornamental, devido à beleza de sua inflorescência e também para consumo humano e animal. O óleo, é seu principal produto extraível, proveniente das sementes, destacando a cultura com excelentes características físico-químicas e nutricionais, com valores que variam de 38 a 50% (LEITE et al., 2005).

É uma espécie oleaginosa que possui características agronômicas importantes, como maior resistência à seca, ao frio e ao calor do que a maioria das espécies normalmente cultivadas no Brasil (LEITE et al., 2005).

Estudos realizados por Castro e Farias (2005) demonstraram que a cultura se desenvolve bem em temperaturas entre 20 °C a 25 °C, o que representa uma grande tolerância da cultura em regiões de dias quentes e noites frias. A necessidade hídrica varia de 200 a 900 mm tendo como períodos mais críticos os 15 dias antes do início do florescimento e os 15 dias após o final da floração. Em relação ao solo, são aconselhados os de textura média, bem drenados, e razoável fertilidade.

Charlet e Busaca (1986) verificaram que a época de semeadura influencia ainda no controle de pragas e doenças que atacam a cultura, afeta o rendimento, a porcentagem de óleo, a altura e o diâmetro do capítulo do girassol. Sendo assim, a época ideal de semeadura da cultura é determinada pela disponibilidade hídrica e pela temperatura característica de cada região (LEITE et al., 2005).

No Brasil, várias doenças que afetam o girassol já foram descritas, podendo destacar o mosaico, a mancha e crestamento bacterianos, podridão da medula da haste, Mancha-de-alternária, podridão branca, míldio, ferrugem, bolha branca, oídio,

tombamento e podridões radiculares e podridões de capítulo (EMBRAPA, 1983; YORINORI et al., 1985).

As doenças com maior importância para a espécie são a Mancha-de-alternária e a podridão branca (EMBRAPA, 1983). Para Leite (2005), a Mancha-de-alternária, causada pelo fungo *Alternaria helianthi* (Hansf.) Tubaki e Nishirara torna-se severa ao girassol sob condições meteorológicas favoráveis ao seu desenvolvimento.

Além disso, trabalhos realizados por Sentelhas et al. (1996), indicaram que as condições ótimas para a germinação de conídios são alta umidade relativa e temperatura entre 25 °C e 30 °C desde que haja presença de orvalho sobre as folhas para propiciar germinação e penetração dos esporos. Leite (2005) completou que a doença diminui a área fotossintética da planta e causa desfolha precoce, conseqüentemente, redução da produção.

### **3.2 O bioma Cerrado**

A formação Cerrado inclui considerável variedade de fisionomias vegetais, tipos de solos e comunidades animais ocorrentes no Brasil central (EITEN,1993). Se destaca como segundo maior bioma em extensão com uma área de 2.036.448 km<sup>2</sup>, correspondente a 23,92% do território nacional (EITEN, 1993). Abrange os Estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Rondônia, Goiás, Tocantins, Maranhão, Piauí, Bahia, Minas Gerais, São Paulo e Distrito Federal.

Com relação a sua hidrografia, o bioma encontra-se recortado pelas bacias do Amazonas, Tocantins, Paraná, Paraguai, São Francisco e Parnaíba. Há ainda as nascentes das bacias Platina, Amazônica e Franciscana (DIAS, 1992).

Segundo a classificação de Köppen, o clima da região (Aw) (NIMER, 1989) é estacional onde há um período chuvoso seguido por um período seco. A precipitação média anual é de 1.500 mm e as temperaturas são geralmente amenas ao longo do ano, entre 22 °C e 27 °C em média (ADÂMOLI et al.,1987).

Os solos, de maneira geral, predominam os latossolos, que representam aproximadamente 48,66% do bioma e que são altamente intemperizados, seguido do neossolo quartzarênico que ocupa em torno de 15% do bioma, e outras classes de solos em menores proporções como argissolo, neossolo, cambissolo entre outros (EMBRAPA, 2008).

Possui uma ampla biodiversidade, e é um ambiente de grande potencial agrícola, que vem sendo explorado através de pesquisas que tendem a introduzir novas espécies. Culturas como a do girassol, a da cevada, a do trigo, a da seringueira e a dos hortifrutigranjeiros, bem como a prática da avicultura, desenvolvem-se rapidamente na região (EMBRAPA, 2008).

### **3.3 O potencial do girassol no Cerrado**

No Brasil, o melhoramento genético busca materiais precoces (OLIVEIRA et al., 2005) de porte baixo, com alta produtividade e resistentes a condições abióticas e bióticas, visando o uso da cultura durante a entressafra. Aliadas à seleção de genótipos mais adaptados, várias práticas contribuem também para o aumento do rendimento da cultura como a adequação dos genótipos à época de semeadura (AMABILE et al., 2007). Conforme Backes et al. (2008) a época de semeadura é um dos principais fatores de sucesso com a cultura do girassol, pois além de reduzir riscos devido a doenças (LEITE, 2005), há diferenças nas respostas fisiológicas e de rendimento entre os diferentes genótipos.

Além disso, ao considerar o cultivo do girassol no Cerrado, um dos objetivos é buscar genótipos mais tolerantes às possíveis condições de acidez dos solos dessa região (LOPES; COX, 1977). O estudo de genótipos se faz necessário, uma vez que ainda faltam informações sobre tipos adaptados e épocas de semeaduras adequadas para diferentes ambientes (COSTA et al., 2000). Cultivares mais produtivas e ajustadas as condições edafoclimáticas objetivam retornos econômicos competitivos em relação a outras culturas além de possibilitar a redução da dependência de genótipos provenientes de outros países.

Trabalhos desenvolvidos por Amabile et al. (2002), demonstraram que o cultivo do girassol apresenta grande potencial de expansão para o Centro-Oeste brasileiro como cultura de safrinha, em sistemas de sucessão com a soja ou o milho. Além do mais, Silva et al. (2007) observaram que com a produção de girassol, é possível contribuir para a otimização da utilização da terra, máquinas e mão-de-obra.

Nesse contexto, o sucesso do estabelecimento da cultura no sistema produtivo do Cerrado está associado principalmente com a adequada escolha das cultivares adaptadas a diferentes ambientes.

### 3.4 Parâmetros genéticos

A cultura do girassol tem se expandido e programas de melhoramento tem conduzido à obtenção e avaliação de genótipos que possuam aspectos importantes no sistema de produção (MESSETTI e PADOVANI, 2004).

Em uma mesma cultura os genótipos podem se expressar de maneira diferente, seja na produtividade de grãos, no ciclo vegetativo, e outras características (HECKLER, 2002). Ao se estudar os parâmetros genéticos é possível quantificar os distintos efeitos genéticos e ambientais dos caracteres de interesse para o melhoramento (SAYD, 2014).

O conhecimento das semelhanças e variações genéticas é útil no sentido de tornar eficiente a utilização dos recursos e possibilidades de ganhos genéticos. Esta eficácia está relacionada ao controle e avaliação experimental visando quantificar as implicações no fenótipo dos caracteres de interesse (FALCONER; MACKAY, 1996).

Parâmetros genéticos como herdabilidade ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e experimental ( $CV_e$ ), e índice de variação (razão  $CV_g / CV_e$ ), são de grande importância nos programas de melhoramento, já que norteiam a seleção do método de melhoramento mais apropriado à cultura, elevando ao máximo os ganhos com seleção (CRUZ, 2005; CRUZ e REGAZZI, 2001; FALCONER, 1987).

Segundo Resende (2002) o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) é um parâmetro que permite estimar a dimensão da variabilidade genética que compõe as populações em diferentes características. FALUBA et al. (2010) relataram que a relação entre o coeficiente de variação genético e ambiental ( $CV_g / CV_e$ ), constituem medidas de influência do ambiente sobre o desempenho dos genótipos, sendo parâmetros de confiabilidade no sucesso de seleção em indivíduos superiores.

A herdabilidade é um dos parâmetros mais utilizados no melhoramento. De acordo com Stansfield (1974), consideram-se altos os valores acima de 0,5 enquanto que os menores de 0,2 são classificados como de herdabilidade baixa. Valores de herdabilidade no girassol foram estimados por Amabile et al. (2015) em características agrônômicas, que apresetaram índices entre 0,61 e 0,98 para rendimento de grãos. O caráter dias para floração inicial foi descrito por alguns autores como de alta herdabilidade (AMORIM et al., 2007; AMABILE et al., 2015). Características como alto rendimento e precocidade, são alguns dos objetivos buscados nos programas de

melhoramento de girassol (OLIVEIRA et al., 2005). Para que essas características de interesse sejam alcançadas, a existência da variabilidade genética é indispensável.

### **3.4 Análise de componentes principais (ACP)**

O girassol possui grande variabilidade genética, e o conhecimento dessa variabilidade permite o direcionamento das estratégias de melhoramento genético.

Especificamente, os estudos de divergência genética, comentados por Falconer (1981) indicam quatro métodos para se avaliar a divergência: estudos genealógicos, diversidade eco geográfica, análise dialética e técnicas multivariadas.

Como ressaltado por Moura (2003), os métodos mais explorados nos estudos de melhoramento são análise de variáveis canônicas, análise de componentes principais, análise de agrupamento e métodos aglomerativos (medidas de dissimilaridades). Logo, a escolha do método mais adequado é norteada pela precisão desejada do pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos.

A Análise dos Componentes Principais (ACP) ou *Principal Component Analysis* (PCA) é um método estatístico multivariado. A técnica foi desenvolvida inicialmente por Karl Pearson em 1901 e posteriormente aplicada por Hotteling em 1933 (MORRISON, 1976). Esta análise estatística baseia-se na transformação de uma série de dados originais num conjunto de variáveis com uma dimensão similar chamada de componentes principais. (VARELLA, 2008). Tem como finalidade principal a análise desse conjunto de dados inter-relacionados promovendo a sua diminuição, a partir de combinações lineares das variáveis originais (REGAZZI, 2001; VICINI, 2005).

Os componentes são avaliados em ordem decrescente de importância sendo esta importância dada pela percentagem de variância total que absorve. Crocco et al. (2003) destacaram que a ACP pode ser usada para julgar a contribuição das próprias variáveis originais escolhidas, ou seja, as variáveis originais com maior peso são as mais importantes do ponto de vista estatístico. Assim, o primeiro componente principal é o que explica a maior parte da variabilidade entre os dados e o segundo explica a variabilidade restante e, assim, sucessivamente.

No método, autovetores são compostos pelas variáveis que foram transformadas em coordenadas, que caracterizaram a sua projeção nos eixos, representando o peso de cada uma sobre o eixo, sendo, portanto, equivalentes ao

grau de correlação destas com o eixo em questão. Já o autovalor, é a soma do quadrado das coordenadas de cada eixo e representando o maior grau de correlação de todas as variáveis, indicando a contribuição relativa de cada eixo para explicar a variância total dos dados. (ANDERSON, 1958).

O estudo da diversidade genética utilizando componentes principais em caracteres agrônômicos possui grande interesse no melhoramento genético, pois permite inferir quais caracteres são responsáveis pela maior parte da diversidade encontrada, possibilitando o descarte de caracteres que pouco contribuem para a divergência genética dos genótipos em estudo, reduzindo significativamente o tempo e o custo de avaliação destas características (CRUZ, 2004).

Diversos trabalhos envolvendo culturas de interesse agrícola tem adotado a ACP, como cevada (CROSS, 1992), sorgo (AYANA; BEKELE, 1999), trigo (BERTAN et al., 2006; HAILU et al., 2006), aveia (BENIN et al., 2003), milho (MIRANDA et al., 2003; VIEIRA et al., 2005), feijão (BENIN et al., 2002; CARGNELUTTI FILHO et al., 2008) e também o girassol (GHAFARI, 2004; MESSETTI e PADOVANI, 2000). Contudo, no Brasil, existem poucos estudos que utilizam essa análise visando o melhoramento do girassol.

A ACP associada as características agrônômicas pode ser empregada como uma ferramenta eficaz para seleção de híbridos com rendimento elevado e precocidade de maturação. Arshad et al. (2010), com o uso da ACP referenciando as análises agrônômicas, puderam identificar melhores híbridos de girassol. Somado a isso, os estudos de Maruthi Sankar et al. (2004) indicaram que caracteres agrônômicos são dominantes e consistentes para o desenvolvimento dessa espécie em épocas distintas.

Da mesma forma, Maruthi Sankar et al. (1999) analisaram a variabilidade de oito características agrônômicas para crescimento de girassol e reduziram a dois componentes principais que abrangeram cerca de 80% da variância das informações originais. Trabalhos desenvolvidos por Cruz e Carneiro (2003) mostraram que os primeiros componentes principais em estudos de divergência genética têm sido considerados quando eles envolvem 80% da variação total.

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Local de desenvolvimento experimental**

Foram conduzidos três ensaios em diferentes locais no Cerrado do Distrito Federal. O primeiro foi conduzido na área experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, estabelecida a 15°35'57" de latitude sul, 47°42'38" de longitude oeste e a altitude de 1.007 m, semeado em 10 de março de 2015; o segundo, na Fazenda Sucupira da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), no Recanto das Emas-DF, a 15°54'53" de latitude sul e 48°02'14" de longitude oeste, em uma altitude de 1.254 m, semeado em 28 de fevereiro de 2015, e o terceiro na Estação Ecológica da Universidade de Brasília, Fazenda Água Limpa (UnB), Vargem Bonita-DF a 15°56'00" de latitude sul e 47°55'00" de longitude oeste, em uma altitude de 1100 m, semeado em 4 de março de 2015.

### **4.2 Delineamento experimental**

Cada um dos três ensaios foi arranjado experimentalmente em blocos ao acaso, com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída de quatro linhas de cinco metros de comprimento e espaçamento de 0,8 m entrelinhas. A área útil da parcela foi de 8 m<sup>2</sup> e a densidade correspondeu a 33 plantas/m<sup>2</sup>.

Foram avaliados 12 genótipos, sendo BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46 da Embrapa; HLA 2013, HLA 2014, HLA 2015, HLA 2016 e HLA 2017 da Heliagro do Brasil; SYN 065 da Syngenta e NTC 90 e M734 (testemunha) da DowAgrosciences.

As análises de solo e as adubações de base e cobertura ocorreram de acordo com o resultado das análises e por Leite et al. (2005), sendo aplicados 400 kg ha<sup>-1</sup> da formula 4-30-16 como adubação de base e 60 kg ha<sup>-1</sup> de N como adubação de cobertura.

### **4.3 Caracterização morfoagronômica**

Considerando que o rendimento do girassol está relacionado a diversas características agronômicas, que, interagindo entre si e com o ambiente, possibilitam a expressão do potencial genético, foram verificados os caracteres 1. REND -

rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. TC - tamanho do capítulo (cm); 3.PMA - peso de mil aquênios (g); 4. ALT - altura de plantas (cm); 5. DFI - dias para floração inicial (DFI), em R5, constituindo a segunda fase do florescimento, caracterizada pela porcentagem de flores abertas. As Regras para Análise de Sementes (BRASIL, 2009) guiaram a determinação do peso de mil aquênios.

Os resultados obtidos foram submetidos a análises de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância, com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

#### 4.4 Avaliação de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais

As estimativas dos parâmetros genéticos foram fundamentadas em análise conjunta, transformando as interações em componentes genéticos e ambientais. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância através do programa Genes (CRUZ, 2007), de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$ , sendo  $Y_{ij}$  = valor observado relativo da característica da  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco,  $\mu$  = média geral,  $G_i$  = efeito da  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ ),  $B_j$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ ),  $\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório (fatores não controlados),  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

Foram obtidas também, para cada uma das características analisadas, as estimativas das variâncias genotípica entre os genótipos ( $\sigma_g^2$ ), ambiental média ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ao nível de média, ( $\sigma_f^2$ ), a herdabilidade ao nível de média ( $h_a^2$ ), os coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e experimental ( $CV_e$ ), o coeficiente de correlação relativa ( $CV_r$ ) e a acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ), para cada característica estudada, utilizando-se o programa Genes (CRUZ, 2007) em que:

$$\text{Variância genotípica} - \sigma_g^2 = \frac{(QMg) - (QMe)}{r}$$

$$\text{Variância ambiental} - \sigma_e^2 = \frac{QMe}{r}$$

$$\text{Variância fenotípica entre as médias} - \sigma_f^2 = \frac{QMg}{r}$$

$$\text{Herdabilidade ao nível de média} - h_a^2(\%) = \frac{\sigma_g^2}{\frac{QMg}{r}} \times 100$$

$$\text{Coeficiente de variação genético} - CV_g = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{m_c}, \text{ onde } m_c = \text{média do caráter};$$



Coeficiente de variação experimental -  $CV_e(\%) = \frac{100\sqrt{QMe}}{m_c}$ , onde  $m_c$  = média do caráter;

$$\text{Coeficiente de variação relativo - } CV_r = \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{\sigma^2}}$$

$$\text{Acurácia seletiva - } \hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$$

#### **4.5 Análise de componentes principais - ACP**

Os coeficientes dos componentes foram obtidos pelos autovalores da matriz de correlação entre as medidas das variáveis de rendimento (REND) em kg ha<sup>-1</sup>, tamanho de capítulo (TC) em cm, peso de mil aquênios (PMA) em g, altura (ALT) em cm e dias para floração inicial (DFI) em dias, padronizadas, de forma que as cinco variáveis foram adimensionais. As análises foram realizadas por meio do programa estatístico computacional R (versão 3.2.2).

### **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **5.1 Caracterização morfoagronômica**

A caracterização agronômica revelou diferenças significativas entre os genótipos e ambientes em relação as características avaliadas (Tabelas 1 e 2). A complexidade do rendimento de grãos varia em função de vários componentes agromorfológicos associados à produtividade e as suas interações com o ambiente (CHIKKADEVAIAH et al., 2002). No ensaio da Embrapa Cerrados o rendimento de grãos (Tabela 1) variou de 2.059 kg ha<sup>-1</sup> (HLA 2017) a 3.212 kg ha<sup>-1</sup> (BRS G46). Os genótipos SYN 065 (2.574,75 kg ha<sup>-1</sup>), BRS G44 (2.683,25 kg ha<sup>-1</sup>), BRS G45 (2.586,50 kg ha<sup>-1</sup>), BRS G43 (2.769,00 kg ha<sup>-1</sup>), HLA 2013 (2.531,75 kg ha<sup>-1</sup>) e HLA 2016 (2.541,25 kg ha<sup>-1</sup>) se assemelharam estatisticamente a testemunha M 734 (2.563,75 kg ha<sup>-1</sup>). (Tabela 1)

Tabela 1: Valores médios das características rendimento (REND) em kg ha<sup>-1</sup> e tamanho de capítulo (TC) em cm em genótipos de girassol nos três ambientes.

GENÓTIPO	REND (kg ha <sup>-1</sup> )						TC (cm)					
	CPAC		SPM		FAL		CPAC		SPM		FAL	
M734 (T)	2.563,75	Bc	3.033,25	Ad	3.204,50	Ab	19,200	Aa	20,15	Aa	19,25	Aa
HLA 2015	3.056,25	Bb	3.074,25	Bd	3.972,50	Aa	16,450	Ba	21,47	Aa	21,00	Aa
NTC 90	2.905,00	Bb	3.460,00	Ac	3.363,00	Ab	19,075	Aa	20,57	Aa	17,75	Aa
SYN 065	2.574,75	Bc	4.182,00	Aa	2.484,50	Bd	22,400	Aa	22,65	Aa	17,25	Ba
BRS G44	2.683,25	Cc	4.567,25	Aa	3.920,00	Ba	17,600	Aa	19,50	Aa	20,25	Aa
HLA 2014	2.899,75	Bb	4.412,00	Aa	2.352,25	Cd	19,650	Ba	23,25	Aa	20,00	Ba
BRS G45	2.586,50	Bc	3.768,75	Ab	3.555,25	Ab	18,750	Ba	21,32	Aa	18,00	Ba
BRS G43	2.769,00	Cc	3.975,25	Ab	3.206,00	Bb	19,975	Aa	21,40	Aa	19,75	Aa
HLA 2013	2.531,75	Cc	4.003,25	Ab	3.319,00	Bb	19,000	Ba	23,00	Aa	20,50	Ba
HLA 2017	2.059,00	Cd	3.914,75	Ab	2.989,25	Bc	18,825	Ba	22,15	Aa	19,50	Ba
BRS G46	3.212,50	Ab	3.902,00	Ab	3.944,75	Aa	20,075	Aa	21,07	Aa	20,00	Aa
HLA 2016	2.541,25	Cc	4.436,00	Aa	3.722,75	Ba	18,225	Aa	20,07	Aa	18,75	Aa
Teste F	17,80		40,61		22,69		479,16		211,42		282,05	
DMS (5%)	423,75		375,70		524,25		1,92		2,10		2,78	
CV(%)	6,13		3,85		6,28		1,33		1,35		1,86	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo. Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo.

Na Embrapa Produtos e Mercado, a amplitude verificada foi de 3.033,25 kg ha<sup>-1</sup> (M734) a 4.567,25 kg ha<sup>-1</sup> (BRS G44), sendo este ambiente com os maiores rendimentos e todos os genótipos superaram a testemunha e dela diferiram estatisticamente (Tabela 1).

Na Fazenda Água Limpa, foi obtido por HLA 2014 o menor rendimento (2.352,25 kg ha<sup>-1</sup>), enquanto o HLA 2015 (3.972,50 kg ha<sup>-1</sup>) apresentou o maior. Três genótipos não superaram a testemunha, sendo eles SYN 065 (2.484 kg ha<sup>-1</sup>), HLA 2014 (2.352,25 kg ha<sup>-1</sup>) e HLA 2017 (2.989,25 kg ha<sup>-1</sup>) diferindo estatisticamente dela. Os demais foram semelhantes estatisticamente a M734 (testemunha) (Tabela 1).

Em relação aos ambientes testados, os genótipos BRS G44, HLA 2014, BRS G43, HLA 2013, HLA 2017, HLA 2016 foram diferentes estatisticamente quanto ao rendimento de grãos, mostrando, conforme Vencovsky e Barriga (1992), que genótipos se expressam de maneiras diferentes em função das condições ambientais impostas.

Estes resultados mostraram o potencial produtivo da cultura na região do Cerrado, indicando este ambiente favorável para o cultivo desta espécie. Os cultivares

avaliados apresentaram rendimentos de grãos acima da média nacional de girassol ( $1.593 \text{ kg ha}^{-1}$ ), conforme CONAB (2016).

Para a característica tamanho de capítulo (TC) (Tabela 1), não houve diferença estatística entre os genótipos em nenhum dos ambientes. No CPAC, o SYN 065 deteve o maior valor absoluto com 22,4 cm, enquanto no SPM foi o HLA 2014 (23,2 cm) e na FAL o HLA 2015 (21,0 cm). Os genótipos NTC 90, M734, BRS G44, BRS G43, BRS G46 e HLA 2016 não mostraram diferença estatística ao serem comparados entre ambientes.

Quanto ao peso de mil aquênios (Tabela 2), o genótipo BRS G44 foi diferente estatisticamente de todos os demais genótipos, inclusive da testemunha (M734), com os maiores valores sendo 108,0 g, 120,5 e 120,5 nos ambientes CPAC, SPM e FAL, respectivamente. Apenas a testemunha M734 e HLA 2015 não detiveram semelhança estatística entre os ambientes.

De forma a evitar a quebra das plantas, materiais mais baixos são desejáveis. Portanto, em relação à característica altura (Tabela 2), as menores encontradas no ambiente CPAC foram HLA 2015 (124,50 cm), BRS G43 (122,50 cm) e HLA 2016 (128,75 cm), todos inferiores e diferentes estatisticamente da testemunha M734 (137,50 cm). No SPM, e na FAL a testemunha apresentou-se como a mais baixa, com 119,75 cm e 108,75 cm, respectivamente. O genótipo HLA 2014 foi o mais alto em todos os ambientes. Os genótipos HLA 2015, NTC 90, HLA 2014, BRS G45, BRS G43, HLA 2017 e BRS G46 demonstraram semelhança estatística ao serem comparados entre os três ambientes.

Tabela 2: Valores médios das características de peso de mil aquênios (PMA) em g, altura (ALT) em cm e dias para floração inicial (DFI) em genótipos de girassol nos três ambientes.

GENÓTIPO	PMA (g)						ALT (cm)						DFI (dias)					
	CPAC		SPM		FAL		CPAC		SPM		FAL		CPAC		SPM		FAL	
M734 (T)	46,50	Ce	56,00	Be	62,00	Ad	137,50	Ac	119,75	Bc	108,75	Bd	45,75	Bd	58,50	Ae	47,25	Bf
HLA 2015	40,50	Cf	64,25	Ad	56,50	Bd	124,50	Ad	128,25	Ac	115,00	Ad	58,00	Bc	60,75	Ad	61,50	Ad
NTC 90	58,50	Ad	53,25	Be	42,00	Ce	171,25	Ab	180,75	Aa	161,25	Aa	62,00	Bb	68,50	Ab	63,00	Bd
SYN 065	45,50	Ae	49,75	Af	34,50	Bf	171,25	Ab	184,50	Aa	151,50	Bb	65,50	Ba	64,50	Bc	68,75	Ab
BRS G44	108,00	Ba	120,50	Aa	120,50	Aa	133,75	Bc	150,00	Ab	128,50	Bc	45,75	Bd	52,25	Ag	47,00	Bf
HLA 2014	40,50	Bf	59,00	Ae	39,25	Be	186,25	Aa	189,50	Aa	176,00	Aa	64,50	Ba	66,00	Ac	66,25	Ac
BRS G45	37,00	Bf	57,00	Ae	38,00	Be	137,50	Ac	149,25	Ab	141,25	Ab	59,25	Ac	58,50	Ae	59,75	Ae
BRS G43	71,25	Bb	71,25	Bc	83,25	Ab	122,50	Ad	130,25	Ac	124,00	Ac	45,50	Bd	55,50	Af	46,00	Bf
HLA 2013	44,00	Ae	44,00	Ag	39,25	Be	158,75	Bb	177,75	Aa	155,50	Bb	62,00	Bb	64,75	Ac	65,75	Ac
HLA 2017	38,25	Bf	54,50	Ae	35,00	Bf	178,75	Aa	188,00	Aa	171,25	Aa	64,50	Ca	74,00	Aa	71,25	Ba
BRS G46	66,25	Bc	82,00	Ab	66,25	Bc	151,25	Ac	156,75	Ab	143,50	Ab	62,25	Bb	64,00	Ac	62,25	Ac
HLA 2016	56,00	Bd	53,75	Be	68,25	Ac	128,75	Ad	126,00	Ac	111,25	Bd	45,50	Bd	54,50	Af	47,00	Bf
Teste F	4,44		1,72		1,92		270,30		191,25		402,66		2,95		8,34		3,07	
DMS (5%)	3,41		4,39		4,10		6,00		7,12		6,10		2,49		1,52		0,53	
CV (%)	7,15		8,20		8,43		4,33		4,43		4,25		10,27		6,30		2,31	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo. Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo.

Os programas de melhoramento visam genótipos com menor ciclo objetivando aproveitar a entressafra das grandes culturas (OLIVEIRA et al., 2005). Assim, genótipos com ciclo mais curto de produção, porém com tempo suficiente para completar seu processo fisiológico, são desejáveis para a safrinha no Cerrado. No ensaio realizado na Embrapa Cerrados, a característica de dias de floração inicial (Tabela 2), teve como genótipos mais precoces M734, BRS G44, BRS G43 e HLA 2016 com floração aos 45 dias. Os mais tardios foram SYN 065, HLA 2014, HLA 2017 por volta dos 65 dias. Na FAL, M734, BRS G44, BRS G43 e HLA 2016 foram os mais precoces com aproximadamente 47 dias para floração enquanto HLA 2017 (71,25 dias) e SYN 065 (68,75 dias) foram os mais tardios (Tabela 2). Na Embrapa Produtos e Mercado, o mais precoce foi o BRS G44 com 52,25 dias, seguido de HLA 2016 (54,50 dias), BRS G43 (55,50 dias), M734 e BRS G45, ambos com 58,50 dias (Tabela 2). Ao comparar os genótipos entre os ambientes (Tabela 2), o BRS G45 foi semelhante estatisticamente nos três e no outro extremo HLA 2017 foi diferente em todos os locais, além de ser o mais tardio dos genótipos.

## **5.2 Avaliação de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais**

A estimativa de parâmetros genéticos considerando caracteres morfoagronômicos é essencial na quantificação da magnitude da variabilidade e a extensão em que os caracteres desejáveis são herdados (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Trabalhos desenvolvidos por Amabile et al. (2015), Amorim et al. (2007), Arshad et al. (2007), Messetti e Padovani, (2009), Mohan e Seetharam, (2005) e Subrahmanyam et al. (2003), avaliaram a divergência genética em girassol utilizando caracteres morfoagronômicos.

Através da relação entre as variâncias genéticas e fenotípicas, é possível estimar a herdabilidade e a acurácia que quantificam a precisão nas inferências das médias genotípicas a partir das médias fenotípicas (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2009). Igualmente, Gomes et al. (2007) manifestam que a magnitude da variação fenotípica e correlações entre características, são consideradas essenciais para sucesso e aumento da produtividade, além das variações entre populações sobre influência ambiental na expressão das características.

Nos três ambientes estudados, (Tabelas 3, 4 e 5), com ressalva para a característica de tamanho de capítulo, a herdabilidade ( $h^2_a$ ), no sentido amplo, das

demais características foram acima de 80%. Como a herdabilidade é a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (FALCONER; MACKAY, 1996), o conhecimento de sua amplitude é essencial para estimar os ganhos genéticos esperados com a seleção (ALLARD, 1999).

As associações genéticas entre caracteres são importantes principalmente quando se refere a seleção indireta para características de baixa herdabilidade, quando a seleção tende a ser dificultada (IQBAL et al. 2003). Nesse contexto, no ambiente de Cerrado, devido as altas magnitudes, houve controle eficiente da variação ambiental, proporcionando melhor expressão das diferenças genéticas, logo, maior herdabilidade permitindo a possibilidade da obtenção de ganhos genéticos com a seleção.

Os traços que exibem coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) superior ao ambiental ( $CV_e$ ), em geral, possuem maiores possibilidades de ganhos genéticos, portanto podem ser consideradas mais favoráveis ao melhoramento. Nos três ambientes avaliados, a característica de tamanho de capítulo foi a única a apresentar  $CV_g$  inferior ao  $CV_e$ , indicando que o progresso na seleção fenotípica para esse caráter é reduzido. O caráter PMA obteve as maiores amplitudes do coeficiente de variação genético sendo 37,26%, 30,47% e 42,65% no CPAC (Tabela 3), SPM (Tabela 4) e na FAL (Tabela 5), respectivamente.

Tabela 3: Quadrados médios de genótipos (QMg) e do erro (QMe), valor de F e estimativas das variâncias fenotípica a nível de média ( $\sigma_r^2$ ), genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h^2_a$ ) dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) e genético ( $CV_g$ ), da relação  $CV_r$  e da acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ) de cada caráter avaliado em genótipos de girassol. Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina, DF.

Parâmetros Genéticos	REND (kg ha <sup>-1</sup> )	TC (cm)	PMA (g)	ALT (cm)	DFI (dias)
QMg	359286,05	8,49	1644,88	2020,42	285,45
QMe	22212,07	1,95	5,11	224,09	0,56
F	16,18	4,34	322,14	9,02	506,89
$\sigma_r^2$	89821,51	2,12	411,22	505,11	71,36
$\sigma_g^2$	84268,50	1,63	409,94	449,08	71,22
$\sigma_e^2$	5553,02	0,49	1,28	56,02	0,14
$h^2_a$ (%)	93,82	76,98	99,69	88,91	99,80
$CV_e$ (%)	5,52	7,38	4,16	9,97	1,09
$CV_g$ (%)	10,76	6,75	37,26	14,11	12,28
$CV_r$ (%)	1,95	0,91	8,96	1,42	11,25
$\hat{r}_{gg}$	0,97	0,88	1,00	0,94	1,00

Para o ensaio da Embrapa Cerrados os valores do  $CV_e$  variaram de 1,09 (DFI) a 9,96 (ALT). Na Embrapa Produtos e Mercado variou de 1,33 (DFI) a 8,19 (TC). Por fim, na Fazenda Água Limpa a variação foi de 2,01 (DFI) a 8,43 (TC). Houve, portanto, em todos os ambientes, pequenos valores para o caráter de dias para floração inicial e os maiores valores para a variação ambiental ocorreram na característica de tamanho de capítulo.

Os coeficientes  $CV_r$ , alcançados por meio da razão  $CV_g/CV_e$  foram elevados, com exceção do caráter TC, para todos os ambientes, caracterizando êxito para seleção fenotípica para os demais caracteres já que a variância genética superou a ambiental conforme explica VENCOVSKY (1978).

De acordo com Resende e Duarte (2007), a acurácia encontrada em todos os ambientes, pode ser considerada muito alta para as características rendimento, peso de mil aquênios, altura e dias para floração inicial. Já para a característica tamanho de capítulo, no ensaio da Embrapa Cerrados (88%), foi considerada alta (Tabela 3), enquanto os da Embrapa Produtos e Mercado (Tabela 4) e Fazenda Água Alimpa (Tabela 5) foram 65% e 69% respectivamente, avaliadas como moderadas. Assim sendo, em relação a avaliação genotípica, a acurácia seletiva está entre os mais importantes parâmetros estatísticos, pois essa característica colabora para maximizar os ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos (HENDERSON, 1984).

Com base no valor de F, e nas tabelas 3, 4 e 5 a precisão experimental foi apropriada para ensaios de avaliação genotípica, uma vez que os valores obtidos foram superiores a 2,0, conforme prescrito por Resende e Duarte (2007). Os valores de F encontrados no ensaio CPAC variaram de 4,3 a 506,8. No SPM houve variação de 40,6 a 211,4 e na FAL, variou de 22,6 a 402,6.

Destaca-se que o valor de F para a característica tamanho de capítulo realizados na Embrapa Produtos e Mercado (1,71) e Fazenda Água Limpa, (1,92) não atingiram 2,0, sugerindo baixa precisão experimental, não podendo, portanto, ser considerada para avaliação genotípica (Tabelas 4 e 5).

A partir do conhecimento de características-chave, é possível ter maior controle da herança genética e dos fatores ambientais que influenciam sua expressão (SAFAVI et al., 2010).

Tabela 4: Quadrados médios de genótipos (QM<sub>g</sub>) e do erro (QM<sub>e</sub>), valor de F e estimativas das variâncias fenotípica a nível de média ( $\sigma_r^2$ ), genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h^2_a$ ) dos coeficientes de variação experimental (CV<sub>e</sub>) e genético (CV<sub>g</sub>), da relação CV<sub>r</sub> e da acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ) de cada caráter avaliado em genótipos de girassol. Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas, DF.

Parâmetros Genéticos	REND (kg ha <sup>-1</sup> )	TC (cm)	PMA (g)	ALT (cm)	DFI (dias)
QM <sub>g</sub>	912292,33	5,28	1544,34	2728,23	149,08
QM <sub>e</sub>	22464,98	3,08	8,07	21,83	0,71
F	40,61	1,72	191,25	124,96	211,42
$\sigma_r^2$	228073,08	1,32	386,08	682,06	37,27
$\sigma_g^2$	222456,84	0,55	384,07	676,60	37,09
$\sigma_e^2$	5616,25	0,77	2,02	5,46	0,18
$h^2_a$ (%)	97,54	41,74	99,48	99,20	99,53
CV <sub>e</sub> (%)	3,85	8,20	4,44	2,95	1,33
CV <sub>g</sub> (%)	12,12	3,47	30,59	16,43	9,66
CV <sub>r</sub> (%)	3,15	0,42	6,90	5,57	7,25
$\hat{r}_{gg}$	0,99	0,65	1,00	1,00	1,00

Tabela 5: Quadrados médios de genótipos (QM<sub>g</sub>) e do erro (QM<sub>e</sub>), valor de F e estimativas das variâncias fenotípica a nível de média ( $\sigma_r^2$ ), genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h^2_a$ ) dos coeficientes de variação experimental (CV<sub>e</sub>) e genético (CV<sub>g</sub>), da relação CV<sub>r</sub> e da acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ) de cada caráter avaliado em genótipos de girassol. Fazenda Água Limpa (FAL), UnB, DF.

Parâmetros Genéticos	REND (kg ha <sup>-1</sup> )	TC (cm)	PMA (g)	ALT (cm)	DFI (dias)
QM <sub>g</sub>	992330,52	5,15	2390,17	2107,75	440,63
QM <sub>e</sub>	43742,22	2,67	5,94	15,58	1,28
F	22,69	1,93	402,66	135,26	345,13
$\sigma_r^2$	248082,63	1,29	597,54	526,94	110,16
$\sigma_g^2$	237147,07	0,62	596,06	523,04	109,84
$\sigma_e^2$	10935,56	0,67	1,48	3,90	0,32
$h^2_a$ (%)	95,59	48,12	99,75	99,26	99,71
CV <sub>e</sub> (%)	6,28	8,43	4,26	2,78	2,02
CV <sub>g</sub> (%)	14,62	4,06	42,65	16,08	18,73
CV <sub>r</sub> (%)	2,33	0,48	10,02	5,79	9,28
$\hat{r}_{gg}$	0,98	0,69	1,00	1,00	1,00

### 5.3 Análise de componentes principais – ACP

A classificação dos genótipos por meio da análise multivariada tem permitido contribuições para o melhoramento genético de várias culturas (SANTOS et al., 2000). A meta da análise de componentes principais é analisar variáveis correlacionadas para gerar fatores não correlacionados além de determinar as variáveis de maior influência na formação de cada componente (VICINI, 2005).



De acordo com Cruz (1990), se 70% ou mais da variância total for atribuída aos primeiros componentes principais, torna-se aceitável o estudo da divergência genética. Contudo, recentemente, Cruz et al. (2004) e Cruz e Carneiro (2003) esclareceram que a aplicação na avaliação da diversidade deve ser feita quando os dois primeiros componentes principais contemplam 80% da variação, sendo que se este limite não for alcançado, a análise deve incluir o terceiro e o quarto componentes.

Os resultados da ACP do ensaio realizado na Embrapa Cerrados (Figura 1) indicaram que os dois primeiros componentes foram responsáveis por 73,5% da variação total. Observando-se o primeiro componente (associados ao eixo x) (52,39%), as características ALT (0,898), DFI (0,891) e TC (0,740) estão associadas positivamente enquanto que o PMA (-0,651) é negativo, sendo ele um atributo inverso aos demais (Tabela 6). Para o segundo componente, no eixo y, de menor contribuição (21,11%), a característica REND apresentou correlação igual a 0,983 (Tabela 6).

Esse resultado é semelhante ao encontrado por Arshad et al. (2010), no qual o caractere PMA apresentou-se inversamente proporcional ao TC, no CP 1. Observando os resultados absolutos dos genótipos com maior PMA, o genótipo BRS G44 (108,0 g), está entre os que detiveram os menores valores de TC (17,60 cm), DFI (45,75 dias) e ALT (133,55 cm). Por outro lado, genótipos com menores valores de PMA apresentaram maiores valores nos outros caracteres avaliados, como é o caso do genótipo HLA 2017, que exibiu baixo PMA (38,25 g) e alto TC (22,15 cm), ALT de 178,25 cm e genótipos mais tardios com DFI de 64, 50 dias (Tabelas 1 e 2).

Tabela 6: Autovalores correspondentes a percentagem da variância ( $\lambda$ ) e variância acumulada ( $\lambda_j$ ) dos componentes principais e respectivas correlações e autovetores das cinco variáveis analisadas em genótipos de girassol. Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF.

CP	Autovalores		REND		TC		PMA		ALT		DFI	
	$\lambda$	$\lambda_j$	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.
CP1	52,49	52,39	-0,134	-0,217	0,458	0,740	-0,402	-0,651	0,555	0,898	0,551	0,891
CP2	21,11	73,50	0,913	0,938	0,153	0,158	0,286	0,294	0,063	0,065	0,241	0,247
CP3	15,75	89,25	-0,274	-0,244	0,541	0,480	0,724	0,643	-0,237	0,211	-0,226	-0,201
CP4	8,41	97,67	-0,136	-0,088	-0,682	-0,442	0,406	0,263	0,484	0,314	0,342	0,222
CP5	2,345	100,00	-0,235	-0,080	0,097	0,033	0,259	0,089	-0,630	-0,216	0,686	0,235

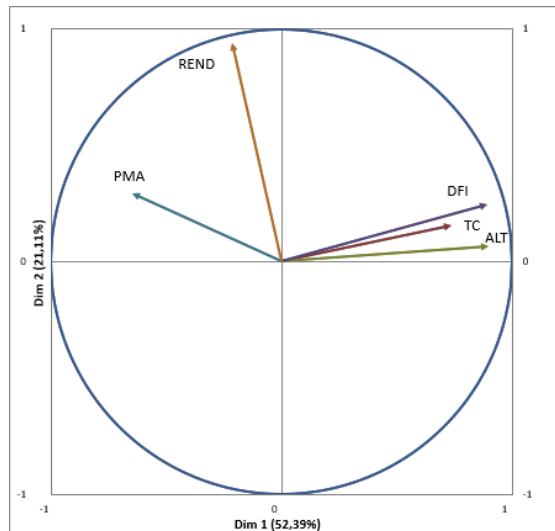


Figura 1: No eixo x: ALT, TC, DFI e PMA e no eixo y: REND. Mapa individual da análise de componentes principais (ACP) do ensaio realizado na Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF.

A análise dos componentes principais possibilitou o agrupamento dos materiais genéticos de girassol em função das variáveis respostas de REND, TC, PMA, ALT e DFI, através de um Dendrograma (Figura 2). Há o agrupamento dos materiais com parentais semelhantes no caso dos genótipos oriundos da Embrapa (BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46) e o genótipo NTC 90 formando o primeiro grupo. O segundo grupo exibe os genótipos SYN 065, HLA 2013, HLA 2014, HLA 2015, HLA 2016, HLA 2017 e M734, os quais pertencem a empresas distintas.

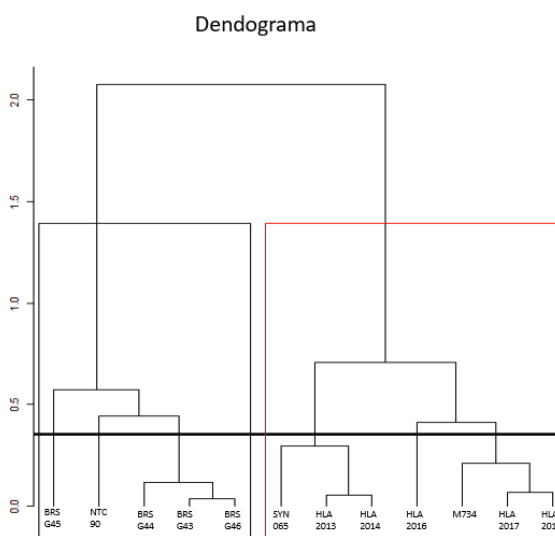


Figura 2: Agrupamento de genótipos de girassol com base na análise dos componentes principais das variáveis respostas REND, TC, ALT, PMA e DFI. Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF.

Pela inspeção visual do gráfico da Figura 3, dos caracteres avaliados no ensaio da Embrapa Produtos e Mercado e utilizando os autovalores dos dois primeiros componentes principais, verifica-se que estes são responsáveis por 81,92% da variação total. O CP 1, associado ao eixo x, explica 54,12%, e o segundo, no eixo y, 27,80% (Figura 3). De acordo com Silva e Padovani (2006) geralmente os dois primeiros componentes explicam a importância de uma grande parte da variabilidade, sendo o primeiro componente o mais importante.

Observou-se que os caracteres que demonstraram correlação positiva são DFI (0,900), TC (0,864), ALT (0,836) e por outro lado, o PMA (-0,671), está negativamente correlacionado (Tabela 7). O fato de PMA estar negativamente correlacionado significa que ele é inversamente proporcional aos demais caracteres, dessa forma ao apresentar um alto valor de PMA, como é o caso do genótipo BRS G44 (120,0 g), este teve um baixo valor de TC (19,50 cm), DFI (52,25 dias) e ALT (150,0 cm). Podendo inferir que a população no PC 1 está mais associada com indivíduos de menor porte, precoces e com menor diâmetro de capítulo. Da mesma forma, quando PMA é baixo, como no caso de SYN 065 (49,75 g), os demais caracteres apresentaram maiores magnitudes de TC (22,65 cm), DFI (64,50 dias) e ALT (184,50 cm), sendo estes mais altos, tardios e com maior diâmetro de capítulos (Tabelas 1 e 2).

Tabela 7: Autovalores correspondentes a percentagem da variância ( $\lambda$ ) e variância acumulada ( $\lambda_j$ ) dos componentes principais e respectivas correlações e autovetores das cinco variáveis analisadas em genótipos de girassol. Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas-DF, 2015.

CP	Autovalores		REND		TC		PMA		ALT		DFI	
	$\lambda$	$\lambda_j$	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.
CP1	54,12	54,12	0,000	-0,000	0,525	0,863	-0,408	-0,671	0,508	0,836	0,547	0,900
CP2	27,80	81,91	0,799	0,942	0,105	0,123	0,443	0,522	0,375	0,442	-0,118	-0,139
CP3	11,55	93,46	-0,367	-0,279	-0,391	-0,297	0,591	0,449	0,348	0,264	0,492	0,374
CP4	5,37	98,84	-0,322	-0,166	0,747	0,387	0,529	0,274	-0,193	-0,100	-0,144	-0,075
CP5	1,16	100,00	0,351	0,084	0,038	0,009	0,093	0,022	-0,665	-0,160	0,651	0,157

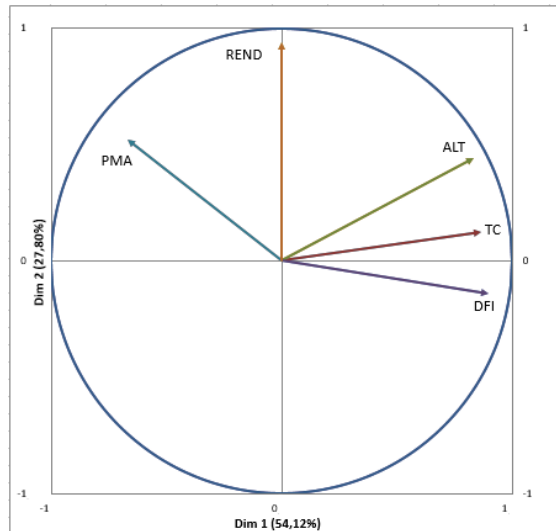


Figura 3: No eixo x: ALT, TC, DFI e PMA e no eixo y: REND. Mapa individual da análise de componentes principais (ACP) do ensaio realizado na Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas-DF.

Para Mohammadi (2003), o agrupamento de genótipos no Dendrograma revela grupos de indivíduos geneticamente similares. Na Figura 4, visualiza-se a formação de três grupos. O primeiro com os genótipos HLA 2015, HLA 2016, HLA 2014, HLA 2017 e SYN 065; o segundo contém somente o genótipo NTC 90, e no terceiro o restante dos genótipos (BRS G46, BRS G45, BRS G43, M734, BRS G44 e HLA 2013).

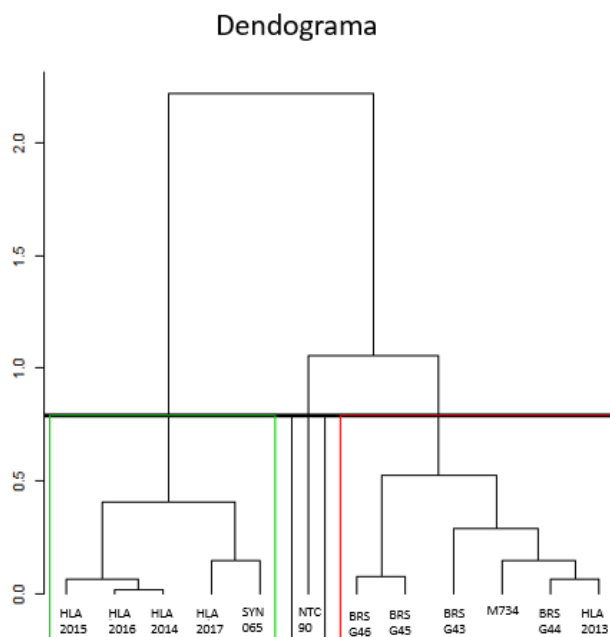


Figura 4: Agrupamento de genótipos de girassol com base na análise dos componentes principais das variáveis respostas REND, TC, ALT, PMA e DFI. Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas-DF.

No ensaio da FAL, é possível resumir toda a informação original em dois componentes principais, responsáveis por 79,87% da variância total dos dados. O mapa individual da ACP (Figura 5) demonstra os autovetores dos caracteres PMA, REND, DFI e ALT do primeiro componente (eixo x) totalizando 59,78% enquanto o segundo componente (eixo y), representado por TC, corresponde a 20,09% (Tabela 8). Os caracteres positivamente correlacionados no primeiro componente são PMA (0,878) e REND (0,749) e os negativos DFI (-0,867) e ALT (-0,859) (Tabela 8).

Sendo assim, BRS G44 foi um dos genótipos com maior PMA (108 g) e REND (3.920 kg ha<sup>-1</sup>) enquanto apresentou menores valores de DFI e ALT, sendo mais precoce (47 dias) e de porte mais baixo (128 cm). No outro extremo, SYN 065, com PMA baixo (34,50 g) e um dos menores rendimentos (2.484,50 kg ha<sup>-1</sup>), deteve altos valores de DFI (68,75 dias) e ALT (151,50 cm).

Tabela 8: Autovalores correspondentes a percentagem da variância ( $\lambda$ ) e variância acumulada ( $\lambda_j$ ) dos componentes principais e respectivas correlações e autovetores das cinco variáveis analisadas em genótipos de girassol. Fazenda Água Limpa (FAL), Vargem Bonita-DF.

CP	Autovalores		REND		TC		PMA		ALT		DFI	
	$\lambda$	$\lambda_j$	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.	Vetor	correl.
CP1	59,77	59,77	0,433	0,748	0,236	0,409	0,507	0,878	-0,497	-0,859	-0,501	-0,867
CP2	20,09	79,87	0,192	0,192	0,863	0,865	0,070	0,071	0,281	0,282	0,365	0,366
CP3	11,20	91,07	0,829	0,621	-0,286	-0,214	-0,297	-0,223	-0,086	-0,065	0,365	0,273
CP4	7,28	98,35	0,185	0,112	-0,318	-0,192	0,654	0,395	0,659	0,398	0,019	0,011
CP5	1,65	100,00	-0,501	-0,066	0,365	-0,035	0,365	0,134	0,019	0,011	0,693	0,199

As características avaliadas ao serem correlacionadas entre os genótipos, podem promover um agrupamento apropriado e separar os genótipos em diferentes grupos (TABRIZI, 2009). No Dendrograma da Figura 6, foi possível agrupar os materiais em dois grupos. O primeiro com os genótipos M734, BRS G45, NTC 90, BRS G44, BRS G46 e BRS G 43 e no segundo os genótipos HLA 2015, SYN 065, HLA 2014, HLA 2016, HLA 2017 e HLA 2013.

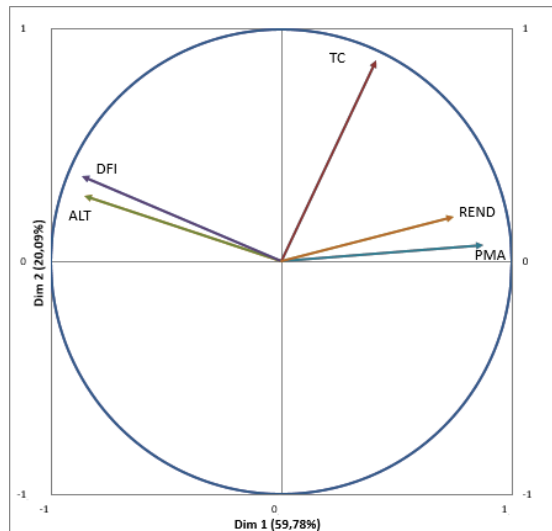


Figura 5: No eixo x: REND, PMA, ALT e DFI e no eixo y: TC. Mapa individual da análise de componentes principais (ACP) do ensaio realizado na Fazenda Água Limpa (FAL), Vargem Bonita-DF.

### Dendograma

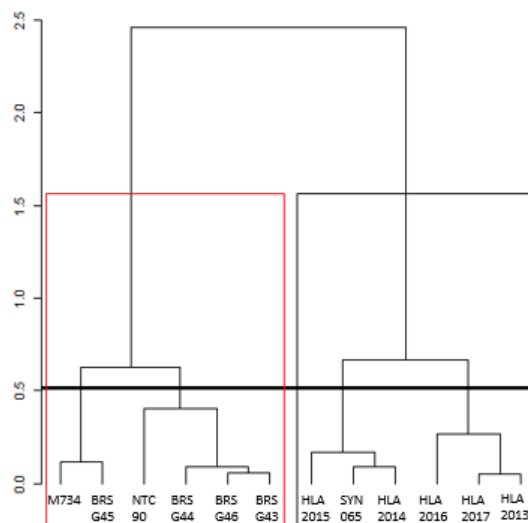


Figura 3: Agrupamento de genótipos de girassol com base na análise dos componentes principais das variáveis respostas REND, TC, ALT, PMA e DFI. Fazenda Água Limpa (FAL), Vargem Bonita-DF.

Destaca-se que em comparação aos ambientes CPAC e SPM, o ensaio da FAL, mostrou que as características ALT e DFI continuam associadas ao primeiro componente principal (eixo x), porém negativamente correlacionadas, enquanto o PMA passa a ser positivo. Outro aspecto que diferencia os ensaios é que a

característica REND, de menor contribuição nos ensaios CPAC e SPM, na FAL passou a ser do primeiro componente contribuindo mais para a variabilidade.

Em relação aos dendogramas, os genótipos provenientes da Embrapa (BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46), por apresentarem os mesmos parentais mantiveram-se agrupados nos três ambientes avaliados. Também, houve uma variação em relação ao genótipo NTC 90 (DowAgrosciences), onde nos ambientes CPAC e FAL esteve agrupado com os materiais da Embrapa, enquanto que no SPM, este ficou isolado num grupo. Já o M734 (DowAgrosciences) agrupou-se com os genótipos da Embrapa no SPM e na FAL. Pode-se inferir que esta variação esteja relacionada com a influência do ambiente sobre os genótipos.

Para a interpretação dos autovetores, considera-se seus valores em módulo. Dessa forma, os caracteres que exibem maiores autovetores nos componentes de maior autovalor representam maior contribuição para a variação. Por outro lado, aqueles com maiores autovetores nos componentes de menor autovalor indicam menor contribuição para a variação. Assim, pode-se indicar quais variáveis demonstraram pouca importância na variabilidade sendo possível recomendar seu descarte.

Nas análises de componentes principais realizadas para os ambientes CPAC, e FAL, a característica DFI deteve seu maior autovetor (0,686 e 0,693, respectivamente) (Tabelas 6 e 8) no último componente. No SPM, foi a característica ALT que apresentou o maior autovetor (0,665) (Tabela 7) no componente de menor autovalor. Portanto, pode-se inferir uma possibilidade de desconsiderar a avaliação de DFI e ALT em futuros estudos relacionados à diversidade genética, ao analisar esse grupo de genótipos de girassol no Cerrado.

## **6. Conclusões**

Os altos valores de herdabilidade, coeficientes de variação genéticos e acurácia demonstram condições favoráveis à seleção dos materiais para as características agronômicas avaliadas, com exceção da característica tamanho de capítulo.

Na análise multivariada (ACP), os caracteres peso de mil aquênios, dias para floração inicial e altura foram comuns a todos os ambientes no primeiro componente.

Houve uma tendência de agrupamento dos genótipos da Embrapa BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46, os quais possuem os mesmos parentais.

Foi possível indicar o descarte da variável DFI em futuras análises deste grupo de genótipos no Cerrado do Distrito Federal.



## 7. Referências

- ADÂMOLI, J.; MACÊDO, J.; AZEVEDO, L. G.; NETTO, J. M. **Caracterização da região dos cerrados**. In: GOEDERT, W. J. (Eds.), Solos dos cerrados: tecnologias e estratégias de manejo. [Planaltina: Embrapa – CPAC] São Paulo: Nobel, 1987. p. 33 – 98.
- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2<sup>nd</sup> ed. New York: John Wiley and Sons, 1999. 254p.
- AMABILE, R. F.; FERNANDES, F. D.; SANZONOWICZ, C. **Girassol como alternativa para o sistema de produção para o cerrado**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2002. 2p. (Circular Técnica, 20).
- AMABILE, R. F.; MONTEIRO, V. A.; AQUINO, F. D. V. de; CARVALHO, C. G. P. de; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FERNANDES, F. D.; SANTORO, V. L. Avaliação de genótipos de girassol em safrinha no Cerrado do Distrito Federal. In REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE GIRASSOL, 17., 2007. Uberaba, MG. **Anais...** Londrina: Embrapa Soja, 2007. p. 109-112.
- AMABILE, R. F.; MONTALVAO, A. P. L.; SALA, P. I. A. L.; SAYD, R. M.; CARVALHO, C. G. P.; FAGIOLI, M. **Estimativa de parâmetros genéticos, correlações fenotípicas e ambientais no girassol do Cerrado do Distrito Federal** Em: XXI REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE GIRASSOL E IX SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE CULTURA DO GIRASSOL, 2015, Londrina, PR. XXI REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE GIRASSOL e IX SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE CULTURA DO GIRASSOL, 2015.
- AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; UNGARO, M. R. G.; KIIHL, T. A. M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.
- ANDERSON, T. W. **An Introduction to Multivariate Statistical Analysis**. New York: John Wiley and Sons, 1958. 374p.
- ARSHAD, M.; KASHIF, M. I.; KHAN, M. A. Genetic divergence and path coefficient analysis for seed yield in sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, v.39, n.6, p.2009-2015, 2007.
- ARSHAD, M.; KHAN, M. A.; JADOON, S.; MOHMAND, A. S. Factor analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.) to investigate desirable hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, v.42, n.6, p.4393-4402, 2010.

AYANA A.; BEKELE, E. Multivariate analysis of morphological variation in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) germplasm from Ethiopia and Eritrea. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.46, p.273-284, 1999.

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 Agricola**, v.9, n.1, p.41-48, 2008. Disponível em: <<http://ojs.c3sl.ufpr.br/ojs2/index.php/agraria/article/view/10131/8174>> Acesso em 28 de março 2016.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. de; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.8, p.179-184, 2002.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I.; SCHIMIDT, D. A. M. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, v.33, p.657-662, 2003.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; SILVA, J. A. G.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I. P.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, v.65, p.55-63, 2006.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília, DF: MAPA/ACS, 2009. 399p.

BLAMEY, F. P. C.; EDWARDS, D. G.; ASHER, C. J. **Nutritional disorders of sunflower**. Brisbane: University of Queensland, 1987. 72 p.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L.; JOST, E.; POERSCH, N. L. Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v.38, p.635-642, 2008.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.111-117, 2009.

CASTRO, C. de; 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. **A cultura do girassol**. Londrina: EMBRAPA-CNPSO, 1997. 36 p. (Circular Técnica, 13).

CASTRO, C. de. FARIAS, J. R. B. **Ecofisiologia do girassol**. In: LEITE, R. M. V. B. C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. de. Girassol no Brasil. Londrina: EMBRAPA, CNPSO, 2005. p.163-218.

CHARLET, L. D.; BUSACCA, J. D. Insecticidal control of banded sunflower moth (*Cochylis nocres* Clep.: Cochylidae) larvae at different sunflower growth stages and dates of planting in North Dakota. **Journal of Economic Entomology**, v.79, p.648-650, 1986.

CHIKKADEVIAH, H.; SUJATHA, H. L.; NANDINI, C. Correlation and path analysis in sunflower. **Helia**, v. 25, n. 37, p. 109-118, 2002.

CONAB. **Conjuntura mensal: Girassol**. Março de 2016. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16\\_04\\_06\\_17\\_15\\_33\\_girassol\\_-\\_conjuntura\\_mensal\\_-\\_marco\\_de\\_2016.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_04_06_17_15_33_girassol_-_conjuntura_mensal_-_marco_de_2016.pdf)> Acesso em 09 de abril 2016.

COSTA, V. C. A.; SILVA, F. N.; RIBEIRO, M. C. C. Efeito de épocas de semeadura na germinação e desenvolvimento em girassol (*Helianthus annuus* L.). **Revista Científica Rural**, v.5, p.154-158, 2000.

CROCCO, M. A.; GALINARI, R.; SANTOS, F.; LEMOS, M. B.; SIMÕES, R. (2003). **Metodologia de identificação de arranjos produtivos locais potenciais**. Disponível em <<http://www.cedeplar.ufmg.br/pesquisas/td/TD%20212.pdf>>. Texto para discussão 212 - CEDEPLAR. Acesso em 12 de abril de 2016.

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**, 1990, 188 p., Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows – 2007. Viçosa, MG: editora UFV, 2007. v. 1. 442 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Diversidade genética**. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético Viçosa: UFV, 2003. v. 2, Cap. 6, p. 338-434.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. **Divergência genética**. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, Cap. 8, p. 377-413.

- CRUZ, D. C. **Princípio de Genética Quantitativa**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 2005.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 2001, 390p
- CROSS, R. J. A proposed revision of the IBPGR barley descriptor list. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.501-507,1992.
- DIAS, B. F. S. **Relatório Nacional do Brasil para UNCED 92**. Brasília, 1992.
- EITEN, G. **Vegetação do Cerrado**. In: PINTO, M. N. Cerrado. Brasília, DF: Universidade de Brasília, 1993. p. 17-73.
- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja (Londrina,PR). **Resultados de pesquisa de girassol - 1983**. Londrina, 1983. 86p
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Cerrado: Ecologia e flora**. Brasília, DF, 2008. p.109 -132.
- FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**, Ed. 2. Longmans Green, London/New York. 1981
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. Ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.
- FALUBA, J. S. MIRANDA, G. V.; LIMA, R. O. de; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, v.40, n. 6, p. 1250 - 1256, 2010.
- FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em 10 março de 2016.
- FREE, J. B. **Insect pollination of crops**. 2. ed., London: Academic Press, 1993. 684p.
- GHAFFARI, M. Use of principle component analysis method for selection of superior three way cross hybrids in sunflower. **Seed and Plant Improvement Journal**, v.19, n.4, p.513-527, 2004.
- GOMES, C. N.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1121-1130, 2007.
- HAILU, F.; MERKER, A.; SINGH, H.; BELAY, G.; JOHANSSON, E. Multivariate analysis of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.54, p.83-97, 2006.

HECKLER, J. C. Sorgo e girassol no outono-inverno, em sistema plantio direto, no Mato Grosso do Sul. **Ciência Rural**, v.32, p.517-520, 2002.

HENDERSON, C. R. **Applications of Linear models in Animal Breeding**. University of Guelph (in press). 1984.

IQBAL, M.; CHANG, M. A.; IQBAL, M. Z.; HASSAN, M. A.; ISLAM, N. Correlation and path co-efficient analysis of Earliness and Agronomic Characters of Upland Cotton in Multan. **Pakistan Journal of Agronomy**, v. 2, p. 160–16, 2003.

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

LEITE, R. M. V. B. C. **Manejo de doenças do girassol**. In: LEITE, R. M. V. B. C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. de. (Ed.). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. Cap. 17, p. 501-546.

LOPES, A. S.; COX, F. R. A survey of the fertility status of surface soils under “Cerrado” vegetation in Brazil. **Soil Science Society of America Journal**, Madison, v. 41, n. 4, p. 742-747, 1977.

MARUTHI SANKAR, G.; NARASIMHA MURTHY, D.; VANAJA, M.; RAGHURAM REDDY, P. A multiple selection index for selecting sunflower genotypes using principal component analysis. **Indian Journal of Dryland Agricultural Research and Development**, v.14, n.2, p.93-103, 1999.

MARUTHI SANKAR, G. R.; MARUTHI, V.; REDDY, P. R.; MURTHY, D. N.; Selection of consistent plant traits for sunflower growth using principal component analysis. **Helia**, v.27, n.41, p.113-122, 2004.

MESSETTI, A. V. L.; PADOVANI, C. R. Utilização da análise de agrupamento no estudo da divergência genotípica de girassol (*Helianthus annuus* L.). **Energia na Agricultura**, v.15, n.4, p. 26-35, 2000.

MESSETTI, A. V. L.; PADOVANI, C. R. **O uso da dispersão gráfica por variáveis canônicas com ênfase em melhoramento genético**. Uberlândia: UFU, p. 373- 376, 2004.

MESSETTI, A. V. L.; PADOVANI, C. R. Estudo da divergência genética em girassol por meio de técnicas multivariadas. **Revista Energia na Agricultura**, v.24, n.2, p.14–28, 2009.

MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J.; M. MELO, A. V.; Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.6, p. 681 – 688, 2003.

MOHAMMADI, S. A. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. **Crop science**, v.43, n.4, p.1235, 2003.

MOHAN, G. S.; SEETHARAM, A. Genetic divergence in lines of sunflower derived from inter specific hybridization, **SABRAO Journal of Plant Breeding and Genetics**, v.37, p.77–84, 2005.

MORRISON, D. F. **Multivariate statistical methods**. New York: McGraw-Hill, 1976. 415 p.

MOURA, E. F. **Divergência genética entre acessos de Jaborandi (*Pilocarpus microphyllus*)**. 2003. Dissertação (Mestrado em Agronomia. – Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro: IBGE, 1989. p. 422.

OLIVEIRA, M. F.; CASTIGLIONI, V. B. R.; CARVALHO, C. G. P. **Melhoramento do girassol**. In: LEITE, R. M. V. B. C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. de. (Ed.). *Girassol no Brasil*. Londrina: Embrapa Soja, 2005. p. 269-297.

PEIXOTO, A. M. **Enciclopédia Agrícola Brasileira – Girassol**. Volume 5. Editora EDUSP. 2004.

PELEGRINI, B. **Girassol: uma planta solar que das Américas conquistou o mundo**. São Paulo: Ícone, 1985. 117 p.

PRADO, R. M.; LEAL, R. M. Desordens nutricionais por deficiência em girassol variedade Catissol-01. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.36, p.187-193, 2006.

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

REGAZZI, A. J. **INF 766 - Análise multivariada**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 2001. 166p. Apostila de disciplina.

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

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROSSI, R. O. **Girassol**. Curitiba: Tecnoagro, 1998. 333 p.

SAFAVI, S. A.; POURDAD, S. S.; TAEB, M.; KHOSROSHAHLI, M. Assessment of Genetic Variation among Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) Accessions using Agro-

morphological Traits and Molecular markers. **Journal of Food Agriculture and Environment**, v. 8, n. 34, p. 616-620, 2010.

SANTOS, R. C.; MOREIRA, J. de A. N.; FARIAS, R. H. de; DUARTE, J. M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, v. 30, n. 1, p. 55-59, 2000.

SAYD, R. M. **Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) sob irrigação no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2014, 83 p. Dissertação de Mestrado.

SENTELHAS, P. C.; PEZZOPANE, J. R. M.; UNGARO, M. R. G.; MORAES, S. A.; DUDIENAS, C. Aspectos climáticos relacionados à ocorrência da Mancha de Alternária em cultivares de girassol. **Fitopatologia Brasileira**, v.21, n.4, p.464-469. 1996.

SILVA, M. L. O.; FARIA, M. A.; PEREIRA, R.; SANTANA, M. J.; WESLEY, M. Viabilidade técnica e econômica do cultivo de safrinha do girassol irrigado na região de Lavras, MG. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 1, p. 200-205, 2007.

SILVA, N. R. da; PADOVANI, C. R. Utilização de componentes principais em experimentação agronômica. **Energia na Agricultura**, v.21, p.98-113, 2006.

SUBRAHMANYAM, S. V.; KUMAR, S. S.; RANGANATHA, A. R. G. Genetic divergence for seed parameters in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, v.26, n.38, p.73-80, 2003. Disponível em: <<http://www.doiserbia.nb.rs/img/doi/10181806/2003/101818060338073S.pdf>>.

Acesso em 18 de abril de 2016.

TABRIZI, H. Z. Estimation of genetic diversity of sunflower single cross hybrids using principle components analysis. **Research Journal of Biological Sciences**, v.4, n.9, p.978-981, 2009.

UNGARO, M. R. G. **Girassol (*Helianthus annuus* L.)**. In: Boletim Informativo do Instituto Agronômico, Campinas, v.200, n.5, p.112-113, 1990.

USDA, N. **The PLANTS database**. National plant data center, Baton Rouge, LA. <<http://plants.usda.gov>>. Acesso em 07 de março de 2016.

VARELLA, C. A. A. **Análise de Componentes Principais: Análise multivariada aplicada as ciências agrárias**. Rio de Janeiro: Seropedica.

- VENCOVSKY, R. **Genética quantitativa**. In: PATERNIANI, E. (Coord.). **Melhoramento do milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p.122-201.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no fitomelhoramento**. **Revista Brasileira de Genética**, 1992. 486 p.
- VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005, 215 p.
- VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, J.E.S. **Melhoramento do Feijão**. In: BORÉM, A. (Ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, 2005. p. 301-391.
- VRANCEANU, A.V. **El girassol**. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa, 1977. 379p.
- YORINORI, J. T.; HENNING, A. A.; FERREIRA, L. P.; HOMECHIN, M. Diseases of sunflower in Brazil. In: **International Sunflower Conference, 11.**, Mar del Plata, Argentina, 1985. **Proceedings...** Toowoomba, Australia: International Sunflower Association, 1985. v.2. p.459.