

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM GIRASSOL DO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS, PHENOTYPICAL AND ENVIRONMENTAL CORRELATIONS IN SUNFLOWER AT DISTRITO FEDERAL

RENATO FERNANDO AMABILE¹, FELIPE AUGUSTO ALVES BRIGE¹, ANA PAULA LEITE MONTALVÃO², PEDRO IVO AQUINO LEITE SALA³, RICARDO MENESES SAYD³, CARLOS HENRIQUE PATRIOTA MOURA⁴, CLÁUDIO GUILHERME PORTELA DE CARVALHO⁵, MARCELO FAGIOLI³

¹Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, 73301-970 Planaltina, DF, email: renato.amabile@embrapa.br; ²University of Goettingen, Faculty of Agricultural Sciences, Grisebachstrasse, 6, 37077, Goettingen, Alemanha; ³Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Veterinária, Brasília, DF; ⁴União Pioneira da Integração Social, Brasília, DF; ⁵Embrapa Soja, Londrina PR

Resumo

O propósito deste trabalho foi avaliar a estimativa de parâmetros genéticos, correlações fenotípicas e ambientais no girassol do Cerrado do Distrito Federal. Os caracteres analisados foram: rendimento de grãos, tamanho do capítulo, peso de mil aquênios, altura de plantas e dias para floração inicial. Foram constatadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características morfoagronômicas avaliadas. Para o coeficiente CV_r, a maioria dos valores foram superior a 1 nos dois anos considerados, indicando que para a maioria dos caracteres aferidos há a possibilidade de êxito na seleção fenotípica uma vez que a variância genética superou a ambiental. Na herdabilidade, a maior estimativa verificada foi para o caráter DFI (99,62%) em 2015 e para PMA (98,45%) em 2016. Foram constatadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características morfoagronômicas avaliadas, exceto para TC e ALT, no primeiro ano. O alto coeficiente de variação genético destaca a possibilidade de obter ganhos genéticos para todas as características analisadas salvo em tamanho de capítulo e altura. Materiais genéticos com potencial para as características agronômicas pesquisadas foram identificados no trabalho, podem ser indicadas ao sistema de produção irrigado no Cerrado.

Palavras-chave: *Helianthus annuus* L., caracteres agronômicos, diversidade genética.

Abstract

The purpose of this study was to estimate genetic parameters, phenotypical and environmental correlations in sunflower of Brazilian savannah. The characters analyzed were: grain yield, chapter length, weight of a thousand achenes, plant height and days to start flowering. Highly significant differences were observed among genotypes for all

morphoagronomic characteristics evaluated. For the most CV_r coefficient values were higher than 1 in the two years under consideration, indicating that for the majority of measured characters there is the possibility of successful phenotypic selection once the genetic variance exceeded the environmental. The heritability estimate was the highest for the DFI character (99.62%) in 2015 and PMA (98.45%) in 2016. Highly significant differences were observed among genotypes for all morphoagronomic characteristics evaluated, except for TC and ALT characters, in the first year. The high coefficient of genetic variation show the possibility of obtaining genetic gain for all examined characteristics except in chapter length and height characters. Genetic material with potential for the researched agronomic characteristics were identified in the work, can be indicated to the irrigated production system in the Brazilian savannah.

Key-words: *Helianthus annuus* L., agronomic characters, genetic diversity.

Introdução

O girassol pode ser cultivado em todas as regiões do país, de acordo com a disponibilidade hídrica e da temperatura do ar, pois o rendimento é pouco influenciado pelas latitudes e altitudes, assim como pelo fotoperíodo, o que facilita a expansão do cultivo no Brasil (Leite et al., 2007). É uma oleaginosa que apresenta características agronômicas importantes, como maior resistência à seca, ao frio e ao calor que a maioria das espécies normalmente cultivadas no Brasil (Leite et al., 2005).

A cultura possui adaptabilidade a diferentes regiões, e com interação genótipo x ambiente, obtêm-se resultados variados em diferentes locais e épocas de cultivo (Ungaro et al., 2000). Com isso há necessidade de avaliação de parâmetros

genéticos, correlações fenotípicas e ambientais em cada região para caracterização agrônômica e recomendação de cultivares. A estimação de parâmetros genéticos e a quantificação da variabilidade genética são fundamentais para o planejamento e para a execução de um programa de melhoramento genético. Ao estimar os parâmetros genéticos é possível conhecer a estrutura genética e avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento, mantendo uma base genética apropriada e promovendo uma seleção adequada de genótipos, além de estipular o peso que deve ser atribuído a cada característica, separadamente ou em conjunto, na seleção (Cruz & Carneiro, 2006). O trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos, correlações fenotípicas e ambientais no girassol do Cerrado do Distrito Federal.

Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, situada a 15°35'30" de latitude Sul e 47°42'30" de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso. Os ensaios foram implantados em 10 março de 2015 e em 23 de fevereiro de 2016, onde foram testados 6 genótipos de girassol, sendo o segundo sob sistema de irrigação via pivô central.

Os genótipos avaliados foram BRS G35, BRS G48, MULTISSOL, BRS G47 e os genótipos SYN 045 e M734 foram as testemunhas, em delineamento experimental de Blocos ao Acaso com quatro repetições. No primeiro ensaio foram aplicados, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 400 kg ha⁻¹ da formulação 4-30-16 e adicionados 60 kg ha⁻¹ de uréia de cobertura. Para o segundo ensaio foram utilizados 300 kg ha⁻¹ do formulado 4-30-16 e 60 kg ha⁻¹ de ureia. Foram avaliados os seguintes caracteres agrônômicos: 1. rendimento de grãos – REND (kg ha⁻¹); 2. tamanho do capítulo – TC (cm); 3. peso de mil aquênios – PMA (g); 4. altura de plantas – ALT (cm); 5. dias de floração inicial – DFI (dias). As análises de variancia e estimativa dos parâmetros genéticos foram realizadas utilizando o software Genes (Cruz, 2007).

Resultados e Discussão

A análise conjunta demonstrou que houve interação entre os genótipos e os dois anos. Dessa forma, a estimativa dos parâmetros genéticos

e respectivos valores de F para o ano de 2015 podem ser encontrados na Tabela 1, e para o ano de 2016 na Tabela 2.

O valor de F tem sido utilizado como indicador do grau de precisão experimental (Cargnelutti Filho & Storck, 2009) e, segundo Resende & Duarte (2007), o valor de F de ensaios de avaliação genotípica deve ser maior que 2,0. Os valores de F encontrados no trabalho variaram de 2,89 a 265,19 em 2015 e de 5,34 a 64,63 em 2016, mostrando-se adequados e enquadrados na classe de precisão dada como de alta a muito alta, conforme Resende e Duarte (2007).

De acordo com Resende & Duarte (2007) a acurácia obtida para as características estudadas foi alta para TC e muito alta para as demais características (REND, PMA, ALT, DFI) no ano de 2015. No ano de 2016, a acurácia mensurada foi muito alta para todas as características.

Os coeficientes de variação ambiental (CV_e) apresentaram pequena magnitude. Os valores do CV_e variaram de 1,23% (DFI) a 6,87% (ALT), em 2015, enquanto, em 2016 variaram de 1,50% (DFI) a 4,79% (TC), indicando alta precisão experimental e adequação nas avaliações dos caracteres.

O coeficiente de variação genético (CV_g) é um parâmetro que permite deduzir a magnitude da variabilidade genética presente nas populações e em diferentes caracteres (Resende, 2002). Os caracteres com situações mais favoráveis ao melhoramento apresentam CV_g superior ao CV_e. No ano de 2015, os valores de CV_g mostraram-se superiores em relação ao CV_e, exceto os caracteres TC e ALT, sugerindo-se uma condição pouco favorável à seleção fenotípica para esses caracteres.

Outro parâmetro importante para analisar a acurácia experimental é a herdabilidade. Ela indica o quanto um caractere pode ser transferido aos seus descendentes e quanto o valor fenotípico representa o valor genotípico do caractere analisado, que as estimativas da herdabilidade no sentido amplo. As estimativas da herdabilidade para os caracteres PMA e DFI nos dois anos e para REND no segundo ano registraram valores superiores a 90%, indicando uma correspondência preditiva entre o valor fenotípico e o valor genético conforme relatado por Vencovsky & Barriga (1992) e por Falconer & Mackay (1996).

A maior estimativa da herdabilidade foi verificada para o caráter DFI (99,62%) em 2015 e para PMA (98,45%) em 2016. Assim, é pressuposto de que, nas condições do Cerrado, houve eficiente controle de variação ambiental, melhor expressão de diferenças genéticas e, portanto, maior herdabilidade. Apenas o caractere TC teve um valor de herdabilidade de baixa magnitude (65,46%) para o ano de 2015.

Conclusão

Foram constatadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características morfoagronômicas avaliadas.

O alto coeficiente de variação genético destaca a possibilidade de obter ganhos genéticos para todas as características analisadas salvo em tamanho de capítulo e altura.

Materiais genéticos com potencial para as características agronômicas pesquisadas foram constatados no trabalho, podendo ser cultivados no sistema de produção irrigado no Cerrado.

Referências

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.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

LEITE, R. M. V. B. de C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. de (Ed.). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005, p. 641 p.

LEITE, R. M. V. B. de C.; CASTRO, C. de; BRIGHENTI, A. M.; OLIVEIRA, F. A.; CARVALHO C. G. P.; OLIVEIRA, A. C. B. **Indicações para o cultivo de girassol nos Estados do Rio Grande do Sul, Parana, Mato Grosso, Goiás e Roraima**. Londrina: Embrapa Soja, 2007, 4 p. (Embrapa Soja, Comunicado Técnico, 78).

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: 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.

UNGARO, M. R. G.; NOGUEIRA, S. S. S.; NAGAI, V. Parâmetros fisiológicos, produção de aquênios e fitomassa de girassol em diferentes épocas de cultivo. **Bragantia**, v. 59, n. 2, p. 205-211, 2000.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

Tabela 1. Parâmetros genéticos de rendimento de grãos (REND) em kg ha⁻¹, tamanho do capítulo (TC) em cm, peso de mil aquênios (PMA) em g, altura de plantas (ALT) em cm e dias de floração inicial (DFI) em dias, no ano de 2015. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Parâmetros Genéticos	REND (kg ha ⁻¹)	TC (cm)	PMA (g)	ALT (cm)	DFI (dias)
QMg	131.397,54	3,62	436,98	548,54	156,17
QMe	18.767,83	1,25	8,13	113,54	0,59
F	7,00	2,89	53,74	4,83	265,19
σ_f^2	32.849,39	0,90	109,24	137,14	39,04
σ_g^2	28.157,43	0,59	107,21	108,75	38,89
σ_e^2	4.691,96	0,31	2,03	28,39	0,15
h_a^2 (%)	85,72	65,36	98,14	79,30	99,62
Cv_e (%)	4,77	5,73	5,06	6,87	1,23
CV_g (%)	5,84	3,93	18,37	6,72	10,01
CV_r (%)	1,22	0,69	3,63	0,98	8,13
$\hat{r}_{gg}$	0,926	0,808	0,991	0,891	0,998
Média	2.872,46	19,55	56,38	155,21	62,33

Tabela 2. Parâmetros genéticos de rendimento de grãos (REND) em kg ha⁻¹, tamanho do capítulo (TC) em cm, peso de mil aquênios (PMA) em g e dias de floração inicial (DFI) em dias, no ano de 2016. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Parâmetros Genéticos	REND (kg ha ⁻¹)	TC (cm)	PMA (g)	ALT (cm)	DFI (dias)
QMg	1.102.625,44	5,87	630,02	238,54	44,74
QMe	49.035,35	0,78	9,75	44,65	0,83
F	22,49	7,54	64,63	5,34	53,87
σ_f^2	275.656,36	1,47	157,50	59,64	11,19
σ_g^2	263.397,52	1,27	155,07	48,47	10,98
σ_e^2	12.258,84	0,19	2,44	11,16	0,21
h_a^2 (%)	95,55	86,74	98,45	81,28	98,14
Cv_e (%)	4,28	4,79	4,20	3,71	1,50
CV_g (%)	9,92	6,12	16,76	3,86	5,45
CV_r (%)	2,32	1,28	3,99	1,04	3,64
$\hat{r}_{gg}$	0,978	0,931	0,992	0,902	0,991
Média	5.174,46	18,42	74,32	180,21	60,79