

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CORRELAÇÕES PARA CARACTERES
AGRONÔMICOS 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.), pertencente à família Asteraceae, é originário da América do Norte, sendo utilizado principalmente para a extração de óleo, alimentação humana e de animais. Sua semente possui aproximadamente 24% de proteínas e 47,3% de óleo, sendo rica em ácidos poliinsaturados. Dentre os principais componentes do sistema de melhoramento, a escolha adequada de cultivares influencia diretamente na interação genótipos x ambientes e pode ser reduzida por meio de estudos de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, bem como pela análise da variabilidade genética e desdobramento dos componentes diretos e indiretos. Dessa forma, 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, além de realizar análises de correlações, elegendo como característica principal o teor de óleo. 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 num delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e as seguintes características foram avaliadas: estande final, 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 estudos de correlação. 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: Análise multivariada, dissimilaridade, *Helianthus annuus* L.

GENETIC DIVERGENCE AND CORRELATIONS FOR AGRONOMIC TRAITS IN SUNFLOWER

ABSTRACT: Sunflower specie (*Helianthus annuus* L.), belonging to Asteraceae family, is originated from North America, being used principally for oil extraction, human and animals food. The seed presents approximately 24% of protein and 47.3% of oil content, being rich in polyunsaturated acids. Several studies shows sunflower crop as one of the main oilseeds for biodiesel production. Among the main components of crop breeding system, the appropriate choice of cultivars directly influences genotypes x environments interaction and may be reduced through studies of adaptability and stability of genotypes, as well as by analysis of genetic variability, unfolding direct and indirect components.. Thus, the present study objectified to characterize the genetic divergence of nine sunflower genotypes belonging to Germplasm Bank of Embrapa-National Soybean Research Center, besides proceeding to to correlation analysis, electing as the main characteristic, oil content. 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 of flowering, number of days for the of final maturation; plant height; chapter curvature, chapter diameter; number of broken plants; number of camped plants, achenes yield per plot, achenes 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 calculated to characterize genetic variability and correlation studies. All analysis were performed by using Gene's computational program. Obtained results allowed concluding that there is genetic variability for all characteristics analyzed, allowing the selection of higher genetic materials, being studied genotypes allocated in three distinct groups. Significant and positive genetic correlations were observed between grain yield and the following characters: number of initial for flowering, number for initial for maturation, plant height and chapter diameter, and may be used in indirect selection for development of new genotypes with high productive potential.

KEY WORDS: Dissimilarity, *Helianthus annuus* L., multivariate analysis.

INTRODUÇÃO

Dentre as culturas oleaginosas, o girassol (*Helianthus annuus* L.) se destaca como uma das mais importantes devido a sua fonte oléica, a preferida para consumo doméstico (Hu et al., 2010). É uma espécie expressiva em nível mundial por ser a quarta de sua característica em produção de grãos e a quinta em área cultivada. Além disso, é a quarta oleaginosa em produção de farelo depois da soja, canola e algodão e a terceira em produção mundial de óleo (Amorim et al., 2008).

Caracteriza-se como uma dicotiledônea anual, seu gênero deriva do grego *Helios*, que significa sol e de *anthus*, que significa flor, ou “flor do sol”, que gira seguindo o movimento

do sol. É uma espécie oleaginosa considerada de grande importância mundial podendo ser explorada em áreas caracterizadas pela adversidade, onde trabalhos realizados com base em indicadores de estresse hídrico a consideraram como uma espécie de tolerância moderada a seca e salinidade, tal fato aumenta ainda mais o interesse nessa cultura (Oliveira et al., 2005).

Com relação ao seu uso empregado em sistemas agrícolas, geralmente ocorre em rotações de culturas, devido ao potencial como reciclador de nutrientes, além de apresentar alelopatia a algumas plantas invasoras, melhorando as características físicas do solo (Coutinho et al., 2015). Devido a sua utilização em sistemas de rotação de cultura, principalmente em regiões produtoras de grãos, torna-se um importante atrativo econômico, ainda mais com a crescente demanda do setor industrial e comercial (Porto et al., 2007).

Outro fator a se considerar é a presença de abelhas que exercem papel essencial na polinização realizando uma total fecundação, originando maior número de flores e a ausência de agentes polinizadores pode acarretar perdas econômicas que representam até 600% sobre o custo da introdução (Martins, et al., 2005). Relacionada a outras plantas oleaginosas, além da produção de óleo, pode ser também utilizada na apicultura, sendo considerada espécie de destaque na produção de pólen e néctar (Silva, et al., 2010).

Entre as várias tecnologias desenvolvidas para a produção de girassol, a escolha adequada da cultivar que apresente alta produtividade de grãos e/ou de óleo é importante para garantir o sucesso da cultura como um dos componentes do sistema de produção (Porto et al., 2007; Dalchiavon, et al., 2016). Além de incrementar a produtividade, o uso de cultivares de melhor adaptação constitui-se em insumo de baixo custo no sistema de produção e, conseqüentemente, de fácil adoção pelos produtores (Paes, 2005; Oliveira et al., 2010; Dalchiavon et al., 2016; Birck et al., 2017; Hiolanda et al., 2018).

O estudo das características morfológicas das culturas por meio da utilização de técnicas estatísticas multivariadas é importante para se estimar a divergência genética do conjunto de cultivares disponíveis Elias et al., (2007) e tem sido empregada em vários trabalhos em diversas culturas, como feijão (Benin et al., 2002; Cargnelutti Filho et al., 2008), trigo (Bertan et al., 2006), aveia (Benin et al., 2003) e milho (Miranda et al., 2003;Vieira et al., 2005).

A divergência genética tem sido estudada visando à seleção de genitores para a formação de híbridos, ou mesmo para formação de novas populações segregantes oriundas do inter cruzamento de genótipos divergentes (Bertini et al., 2009). Com trabalhos que avaliaram a divergência genética em girassol utilizando caracteres morfo agrônômicos (Subrahmanyam et al., 2003; Mohane Seetharam, 2005; Amorim et al., 2007; Messettie Padovani, 2009).

Nesse aspecto, 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.

Entre os procedimentos estatísticos mais utilizados para estimar a distância genética com base em caracteres morfológicos estão as estimativas de distâncias entre cada par de genótipos e sua apresentação em uma matriz simétrica. A partir da obtenção desta, sua interpretação pode ser facilitada pela utilização de métodos de agrupamento, que tem por finalidade separar um grupo original em subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Bertan et al., 2006). Este conhecimento se traduz na determinação da divergência ou dissimilaridade genética.

A determinação da dissimilaridade genética por meio de análise simultânea de diversos caracteres nos genótipos é vantajosa na identificação da variabilidade genética (Moura et al., 1999). A classificação dos genótipos utilizando os recursos da análise multivariada tem oferecido contribuições para o melhoramento genético de várias culturas (Santos et al., 2000). A obtenção destas e outras informações, como por exemplo, o estudo de correlações, tem sido decisiva para dar suporte tecnológico ao desenvolvimento da cultura do girassol, garantindo melhores produtividades e retornos econômicos competitivos (Porto et al., 2007).

A correlação fenotípica entre duas características é governada pelos componentes genético e ambiental. A correlação genética é causada pela presença de pleiotropia e/ou desequilíbrio de ligação. A correlação fenotípica é a única onde a observação direta do fenômeno é possível (Falconere Mackay, 1996). 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).

Além disto, importância também tem sido atribuída ao estudo de caracteres correlacionados (Caeirão et al., 2001; Crestani, 2008), pois possibilitam identificar modificações que ocorrem em um determinado caráter em função da seleção praticada em outro. Segundo Carvalho et al., (2001), a relação de um caráter indireto de elevada herdabilidade pode permitir progressos mais rápidos e em menor espaço de tempo do que a própria seleção direta do caráter principal, quando se deseja seleção simultânea de caracteres ou quando o caráter direto revelar baixa herdabilidade, de difícil identificação e resposta para obtenção de ganho genético.

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar a variabilidade genética entre híbridos e cultivares experimentais de girassol, além de realizar análises de correlação, elegendo como característica principal o teor de óleo.

CONSIDERAÇÕES GERAIS SOBRE A CULTURA DO GIRASSOL

O girassol é uma planta originária da América, tendo seu uso inicial como planta ornamental para posterior cultivo comercial. Pertence à classe Magnoliopsida, ordem Asterales, família Asteraceae, subfamília Asteroideae e tribo Heliantheae, gênero *Helianthus* e espécie *H. annuus* (Joly, 2002). A espécie apresenta como centro de origem o Peru e a América do Norte (Oliveira et al., 2005).

Segundo Castiglioni et al., (1997), esta oleaginosa caracteriza-se como dicotiledônea anual, com plantas possuindo raízes pivotantes e ramificadas, o que facilita a absorção de água e elementos presentes na solução do solo. O caule possui formato de haste única e com inflorescência na região apical, suas folhas se distribuem ao longo do mesmo, sendo em números e formas relativamente variáveis, podendo ser longopecioladas, alternadas, acuminadas, romboides, denteadas, lanceoladas e com pilosidade áspera em ambas as faces.

A inflorescência é chamada de capítulo, composta por flores sésses, condensadas em receptáculo comum, discoide e rodeada por um involúcro de brácteas. Suas flores são classificadas em dois tipos: tubulosas (flores férteis) que são compostas de cálice, corola, androceu e gineceu e as liguladas (flores incompletas) que possuem um ovário, cálice rudimentar e corola transformada (Rossi, 1998).

A utilização da cultura do girassol nos campos de produção tem sido propagada devido às características peculiares da espécie: elevado potencial fotossintético, taxas de crescimento expressivas, bem como satisfatória capacidade em extrair diversos compostos do solo por meio do vigoroso sistema de raízes (Hall, 2004).

Conforme afirmou Rossi (1998), é uma cultura com grande estabilidade fenotípica ou plasticidade, possuindo como uma de suas principais vantagens o fato de ser altamente adaptável às várias condições de cultivo, podendo ser cultivada em climas tropicais, subtropicais e até mesmo temperados. Entretanto, faz-se necessário a verificação de fatores como época de semeadura, variabilidade genética, fertilidade do solo, disponibilidade de água, estágio do desenvolvimento da planta, número de plantas por área e interações entre as mesmas.

De acordo com Coutinho et al., (2015), as plantas de girassol apresentam larga variação dos caracteres fenotípicos e características edafoclimáticas, necessitando de solos com fertilidade média, podendo suportar grande intensidade luminosa, devido a sua alta saturação e com umidade suficientemente disponível, tolerando temperaturas acima de 40°C. Com relação à necessidade hídrica, durante o ciclo da cultura, os autores citam que, de 500 a 700 mm de água bem distribuídos, resultam em rendimentos próximos ao máximo (2700 kg ha⁻¹), sendo suficiente de 250 a 400 mm de chuva para o completo desenvolvimento.

De acordo com Castiglioni et al., (1997), podem ser observadas plantas com alturas que variam de 50 a 400 cm, caules de 15 a 90 mm de diâmetro, folhas de 8 a 50 cm de comprimento e plantas com 8 a 70 folhas por caule, capítulos com diâmetros de 6 a 50 cm, contendo de 100 a 8000 flores. Ainda segundo os mesmos autores, tais características variam de acordo com o genótipo e as condições edafoclimáticas de cada local.

De acordo com dados da Companhia Nacional de Abastecimento (Conab, 2018), a produtividade média de girassol na safra 2017/2018 alcançou, nacionalmente, 1489 kg ha⁻¹, com variação crescente de 6,6% para a safra 2018/2019 atingindo 1588 kg ha⁻¹. Tal produtividade foi alcançada numa área de aproximadamente 95,5 mil ha.

Um dos principais componentes do sistema de produção da cultura do girassol, assim como em qualquer outro, são a escolha adequada de cultivares e o conhecimento da variabilidade genética dos materiais. A influência da interação genótipos x ambientes (G x A) pode ser reduzida por meio de estudos de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. A presença de interação G x A significativa, em testes de rendimento de girassol, foi verificada por La Vega e Chapman (2006) e Porto et al., (2007, 2008, 2009).

VARIABILIDADE E CORRELAÇÕES GENÉTICAS

Os estudos de divergência genética apresentam relevância no melhoramento de plantas, por fornecerem parâmetros para identificação de progenitores que, quando cruzados, possibilitam o aparecimento de genótipos superiores, além de facilitarem o conhecimento da base genética da população (Ferrão et al., 2002).

Os programas de melhoramento se baseiam, principalmente, na hibridação para gerar populações segregantes, nas quais se procede à seleção de linhagens superiores. Nesse contexto, os estudos sobre divergência genética podem ser de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz et al., 1994).

A caracterização morfológica e agrônômica das plantas cultivadas é importante, pois por meio destas, é possível conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para utilização em programa de melhoramento genético (Elias et al., 2007). A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação de heterose, ou por processos preditivos.

Em se tratando da natureza preditiva, vários métodos podem ser utilizados, dentre estes, os componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos, tendo por base as diferenças morfológicas, quantificadas em medidas de dissimilaridade, expressando o grau de diversidade entre os genótipos (Cruz e Carneiro, 2006).

A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, apresenta-se vantajosa, já que possibilita a identificação de fontes de variabilidade genética, a importância de cada caráter avaliado em relação à divergência genética e, ainda, conhecimento das combinações com maiores chances de sucesso, antes de se realizarem os cruzamentos (Moura et al., 1999).

A quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agrônômicos, morfológicos moleculares dentre outros. No caso de variáveis quantitativas essa variabilidade pode ser acessada utilizando-se medidas de dissimilaridade, destacando-se, entre elas: a distância Euclidiana e a distância generalizada de *Mahalanobis*. Essa última leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas, quando o experimento se encontra sob delineamento experimental (Cruz e Carneiro, 2003).

Em girassol, a estimativa da divergência genética entre genótipos vem sendo estudada, visando seleção de genitores para formação de híbridos ou mesmo a formação de novas populações segregantes, oriundas do intercrossamento de genótipos divergentes com características agrônômicas complementares (Miljanovic et al., 2000; Manjula et al., 2001; Subrahmanyam et al., 2003 e Rao et al., 2004).

A determinação do potencial produtivo das culturas interfere a adaptação em condições edafoclimáticas, tornando importante a realização de avaliações contínuas de genótipos (Porto et al., 2009). O conhecimento desses fatores, juntamente com informações acerca da divergência genética, além de auxiliar na tomada de decisão pelo material, possibilita agilizar os programas de melhoramento (Carvalho et al., 2001). A dissimilaridade no girassol tem sido utilizada para obtenção de novos híbridos e extração de linhagens, a partir de cultivares discriminantes, para cruzamentos entre características complementares (Rao et al., 2004; Amorim et al., 2007).

Chiorato et al., (2006) empregaram a análise multivariada na avaliação da divergência genética de 116 acessos de feijão, pertencente ao banco ativo de germoplasma de feijoeiro do Instituto Agronômico de Campinas (IAC). De acordo com os autores, foram identificados grupos de acessos com dissimilaridade igual a zero, o que possibilitou a identificação das possíveis duplicatas no banco de germoplasma.

Segundo Bonett et al., (2006) avaliando a diversidade genética em germoplasma de feijoeiro no estado do Paraná, por meio de características morfoagronômicas, submetidos à análises multivariadas, foi possível identificar a dissimilaridade entre os grupos, evidenciando a existência de divergência genética para estes genótipos.

Por meio da avaliação da diversidade genética utilizando-se de técnicas multivariadas baseadas em 11 caracteres morfoagronômicos e nutricionais, Elias et al., (2007) detectaram divergência genética entre as cultivares tradicionais e as testemunhas comerciais de feijão.

Num estudo realizado por Amorim et al., (2007), os autores concluíram que existe variabilidade genética entre os 15 genótipos de girassol para as doze características agronômicas avaliadas. Os caracteres início do florescimento, 50% florescimento, número de folhas e altura da inserção do capítulo, contribuíram com grande parte da divergência genética observada entre os 15 genótipos de girassol. É possível identificar genótipos divergentes e com características agronômicas complementares, para a extração de linhagens e/ou formação de novas populações.

Vogt. et al., (2010) estudaram 17 cultivares de girassol e concluíram que os mesmos foram divergentes e agrupados em três grupos distintos de acordo com as técnicas de análise multivariada baseados no agrupamento de *Tocher*, UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Means*) e variáveis canônicas. Foi possível identificar possíveis cruzamentos promissores entre as cultivares, visando à formação de populações segregantes e posterior desenvolvimento de variedades adaptadas as condições edafoclimáticas do Planalto Norte Catarinense.

De acordo com Rigon et al., (2012), num estudo com a cultura do girassol, os autores concluíram que os métodos multivariados foram concordantes entre si, sendo o número de aquênios por capítulo e altura de inserção do capítulo as variáveis que mais contribuíram para a divergência. A dissimilaridade entre as cultivares demonstra a utilização do híbrido Olisun 5 para obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.

Poletine et al., (2012) também estudando a cultura do girassol, concluíram que, embora restrita, havia variabilidade genética entre 16 híbridos para as características agronômicas avaliadas, com exceção do peso de 1000 aquênios e altura de plantas. As

características rendimento de grãos e tamanho do capítulo contribuíram significativamente na divergência genética observada. Os autores concluíram ainda ser possível identificar materiais genéticos divergentes para a obtenção de linhas e/ou formação de novas populações, visando à produção de biodiesel, nas condições da região noroeste do estado do Paraná.

De acordo com Barelli et al., (2009) caracterizando a divergência genética entre 35 cultivares tradicionais de feijoeiro em Mato Grosso do Sul, com base em características morfoagronômicas, encontrou-se expressiva diversidade genética entre as cultivares tradicionais. Segundo os autores, a grande diversidade genética dos acessos tradicionais serve para maximizar a base genética do feijão, por meio da introdução de acessos tradicionais em programas de melhoramento.

Cabral et al., (2011) avaliaram a divergência genética em 57 acessos de feijoeiro comum, sendo 20 acessos fornecidos pela Embrapa, 31 genótipos locais fornecidos de região de Muqui (ES) e seis cultivares comerciais. Os dados obtidos pelos respectivos autores demonstraram baixa similaridade genética entre as cultivares comerciais e entre os acessos provenientes da Embrapa, pois os acessos locais demonstraram diversidade genética significativa.

Para que o melhoramento da cultura do girassol seja realizado de forma mais eficiente, é indispensável o conhecimento sobre a natureza e intensidade das variações de origem genética e de ambiente que atuam sobre o caráter, sendo a herdabilidade, um dos parâmetros genéticos mais importantes, o efeito cumulativo de todos os locos que o afetam. Portanto, conhecida a herdabilidade, o progresso a ser esperado a partir da seleção de uma característica pode ser previsto, além de estimar a intensidade com que as variações de ambiente podem afetar sua expressão (Amorim et al., 2008).

Além disto, importância também tem sido atribuída ao estudo de caracteres correlacionados (Caeirão et al., 2001; Crestani, 2008), pois possibilitam identificar modificações que ocorrem em um determinado caráter em função da seleção praticada em outro. Segundo Carvalho et al. (2001), a relação de um caráter indireto de elevada herdabilidade pode permitir progressos mais rápidos em menor espaço de tempo do que a própria seleção direta do caráter principal, justamente quando se deseja seleção simultânea de caracteres ou quando o caráter direto revelar baixa herdabilidade, de difícil identificação e resposta para obtenção de ganho genético.

A estimativa da herdabilidade, ainda segundo Carvalho et al., (2001), pode ser obtida com base nos componentes de variância por intermédio da estimativa do quadrado médio em um experimento com repetições de igual número de plantas ou de parcelas. Já, a associação

entre caracteres, que pode ser diretamente medida, é a fenotípica, que envolve causas de natureza genética e de ambiente na expressão total (Falconer, 1987). Portanto, existem modelos que permitem retirar da correlação geral o efeito de ambiente, permitindo conhecer a associação de natureza herdável, mais efetiva para uso em programas de melhoramento de plantas (Cruz e Regazzi, 2001).

Em programas de melhoramento, ao longo do processo de seleção, objetiva-se melhorar um caráter principal, e aprimorar a expressão de outros simultaneamente. Conhecer as relações existentes entre caracteres, tais como os estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois auxiliam no processo seletivo (Nogueira et al., 2012). Ainda segundo os mesmos autores, o desenvolvimento de novas cultivares com maior potencial genético para a produtividade é a principal meta dos programas de melhoramento e os estudos de correlações contribuem para a determinação de caracteres que poderão ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos.

A produtividade de aquênios é uma característica complexa, resultante a partir da expressão e da associação de diferentes componentes, que são considerados pelo melhorista no processo de seleção de novos genótipos. Para realizar a seleção de forma eficiente são necessários conhecimentos sobre a natureza e a magnitude das variações fenotípicas observadas, bem como sobre as correlações de outras características agrônômicas com a produtividade, ou mesmo entre elas, e sobre a influência ambiental na manifestação dos caracteres (Gomes et al., 2007).

A partir das estimativas de correlação é possível realizar a seleção indireta para um caráter principal, baseando-se na resposta correlacionada, permitindo assim progressos mais rápidos quando comparado à seleção direta para o caráter desejado. Entretanto, essas correlações não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas dos outros caracteres com a produção (Cruz et al., 2012).

Ainda segundo 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.

Amorin et al., (2008), em trabalho com a cultura do girassol, relatam a possibilidade de seleção indireta para produtividade de aquênios utilizando como referência as características diâmetro do capítulo, porcentagem de aquênios normais e massa de mil

aquênios. Dalchiavon et al., (2016) ao estudarem 15 híbridos de girassol observaram que a correlação genética entre produtividade de aquênios e produtividade de óleo foi significativa e positiva ($r = 0,74$). Entretanto, os autores citam que o incremento da produtividade de óleo de um híbrido não pode ser atribuído ao aumento do teor de óleo, pois as correlações do teor de óleo com produtividade de aquênios e produtividade de óleo foram não significativas, dificultando as atividades dos programas de melhoramento.

O estudo dos parâmetros genéticos, tais como coeficiente de determinação genotípica, componente de variabilidade genotípica e a relação entre os coeficientes de variação genética e variação ambiental, são de grande importância para o melhorista, pois auxiliam na tomada de decisões quanto ao método de melhoramento para a cultura (Cruz et al., 2012), e as estimativas destes parâmetros genéticos devem ser consideradas na escolha do método de seleção a ser adotado em função da característica de interesse. A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Vivas et al., 2012).

A avaliação e a seleção de híbridos e variedades de girassol de várias empresas estão sendo realizados por meio da Rede de Ensaios de Avaliação de Genótipos de Girassol, com a instalação e condução de ensaios em diferentes locais das Regiões Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste e Sul do País, coordenadas pela Embrapa Soja e conduzida por instituições públicas e privadas (Porto et al., 2007). Um dos locais de coleta de dados, desde o ano de 2010, é a Universidade Estadual de Maringá – Campus Regional de Umuarama.

REFERÊNCIAS

- AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Correlações e análise de trilha em girassol. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n.2, p. 307-316, 2008.
- AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.
- 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.
- BARELLI, M.A.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; NEVES, L.G.; SILVA, H.T. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Ciências Agrárias**. Londrina, v. 30, n.1, p. 1061-1072, 2009.
- 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.; SCHMIDT, D.A.M.

Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, p.657-662, 2003.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; 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 (*Phaseolu vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.8, n.3, p.179-184, 2002.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VIEIRA, E.A.; HARTWIG, I.; SILVA, J.A.G.; SHIMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P.; BUSATO, C.C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.

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, vol.41, n.1, p. 42-51, 2017.

BONETT, L.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SCHUELTER, A.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; LACANALLO, G.F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletados no estado do Paraná, Brasil. **Ciências Agrárias**, Londrina, v.27, n.4, p.547-560, 2006.

CABRAL, P.D.S.; SOARES, T.C.B.; LIMA, A.B.P.; ALVES, D.S.; NUNES, J.A. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.4, p.898-905, 2011.

CAIERÃO, E.; CARVALHO, F.I.F.; PACHECO, M.T.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V.S.; SILVA, J.G. Seleção indireta em aveia para o incremento no rendimento de grãos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n.2, p.231-236, 2001.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; REIS, R.C.P.; SOUZA, J.R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.8, p.2138-2145, 2008.

CARVALHO, F.I.F.; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; MARCHIORO, V.S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel, 2001. 99p.

CASTIGLIONI, V.B.R.; BALLA, A.; CASTRO, C.; SILVEIRA, J.M. **Fases de desenvolvimento da planta de girassol**. Londrina: EMBRAPA, 1997. 24p.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; DIAS, L.A.S.; MOURA, R.R.; CHIAVEGATO, M.B.; COLOMBO, C.A. Identification of common bean (*Phaseolus vulgaris*) duplicates using agromorphological and molecular data. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.29, n.1, p.105-111, 2006.

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

COUTINHO, P.W.R.; SOUSA, R.F.B.; TSUTSUMI, C.Y. Métodos de Melhoramento Genético no Girassol. **Nucleus**, Ituverava, v.12, n.1, p. 119-128, 2015.

CRESTANI, M. **Genótipos de aveia branca (*Avena sativa* L.) submetidos a diferentes protocolos e doses de alumínio em cultivo hidropônico.** 2008. 107p. Dissertação (Mestrado em Ciências (Fitomelhoramento) – Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2008.

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

CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.243, p.183-190, 1994.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento Genético.** Viçosa: UFV, v.2, 2003, 585p.

CRUZ, C. Dom; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento.** 2ª ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

DALL'AGNOL, A.; VIEIRA, O.V.; LEITE, M.R.V.B.C. Origem e histórico do Girassol. In: LEITE, R.M.V.B.C.; BRIGHENTI, A.M.; CASTRO, C. (Ed.). **Girassol no Brasil.** Londrina: Embrapa Soja, 2005. p.1-14.

DALCHIAVON, F.C.; MALACARNE, B.J.; CARVALHO, C.G.P. de.; Características agrônômicas de genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) em segunda safra no Chapadão do Parecis – MT. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 39, n.1, p.178-186, 2016.

ELIAS, H.T.; VIDIGAL, M.C.G; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p. 1443-1449, 2007.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** Harlow: Longman. 1996. 464p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987, 279p.

FERRÃO, M.A.G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A. Divergência genética em feijoeiros em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.8, p.1089-1098, 2002.

FURTADO, M.R.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A.; COELHO, A.D.F.; PETERNELLI, L.A. 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.

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.8, p.1121-1130, 2007.

HALL, A.J. Advances in the physiology of the sunflower crop: a ten year progress report. In: International Sun Flower Conference, 2004, Fargo. **Proceedings...** Fargo: ISA, 2004, v.16, nº1, p. 29-41.

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.

HU, J.; SEILER, G.; KOLE, C. **Genetics, genomics and breeding of sun flower**. Routledge, USA, 2010. 342p.

JOLY, A.B. **Botânica e introdução à taxonomia vegetal**. 13 ed., São Paulo: Companhia Editora Nacional, 2002. 777p.

LA VEGA, A.J.; CHAPMAN, S.C. Defining sunflower selection strategies for a highly heterogeneous target population of environments. **Crop Science**, Madison, v. 46, v.1, p. 136-144, 2006.

MANJULA, K.; NADAF, H.L.; GIRIRAJ, K. Genetic diversity in non-oil seed sunflower (*Helianthus annuus* L.) genotypes. **Helia**, Novi Sad, v.24, n.34, p.17-24, 2001.

MARTINS, E.A.C.; MACHADO, R.J.P.; LOPES, J. Atrativo para abelhas em campos de produção de sementes de girassol colorido híbrido. **Ciências Agrárias**, Londrina, v.26, n.4, p.489-494, 2005.

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

MILJANOVIC, T.; BOZA, P.; ATLAGIC, J.; SKORIC, D. Morphological variability of *H. giganteus* L. and *H. maximiliani* Sch. populations. **Helia**, Novi Sad, v.23, n.32, p.45-52, 2000.

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**, Brasília, v.38, n.6, p.681-688, 2003.

MOHAN, G.S.; SEETHARAM, A. Genetic divergence in lines of sunflower derived from interspecific hybridization. **Sabrao Journal of Breeding and Genetics**, v.37, n.2, p.77-84, 2005.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; LIMA, P.C. Divergência genética de linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.28, n.6, p.877-888, 2012.

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

OLIVEIRA, I.R.; CARVALHO, H.W.L.; CARVALHO, C.G.P.; LIRA, M.A.; FERREIRA, F.M.B.; TABOSA, J.N.; MACEDO, J.J.G.; FEITOSA, L.F.; RODRIGUES, C.S.; MELO, K.E.O.; MENEZES, A.F.; SANTOS, M.L. **Avaliação de cultivares de girassol em municípios dos Estados da Bahia, Alagoas, Sergipe e Rio Grande do Norte**: ensaios realizados no ano agrícola de 2008. Comunicado técnico (documento 105). Aracajú, Brasil.2010.

PAES, J.M.V. Utilização do girassol em sistema de cultivo. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, vol.26, n.1, p. 34-41, 2005.

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**, Lagos, v.7, n.45, p. 6054-6061, 2012.

PORTO, W.S.; CARVALHO, C.G.P.; PINTO, R.J.B. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.4, p.491-499, 2007.

PORTO, W.S. CARVALHO, C.G.P; PINTO, R.J.P.; OLIVEIRA, M.F.; OLIVEIRA, A.C.B. Evaluation of Sunflower cultivars for central Brazil. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.65, n.2, p.139-144, 2008.

PORTO, W.S.; CARVALHO, C.G.P.; PINTO, R.J.B.; OLIVEIRA, M.F.; OLIVEIRA, A.C.B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol para a região subtropical do Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n 9, p.2452-2459, 2009.

RAO, G.M.; REDDY, L.; KULKARNI, R.S.; RAMESH, S.; REDDY, S.S.L. Prediction of heterosis based on genetic diversity of parents through regression analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, Novi Sad, v.27, n.41, p.51-58, 2004.

RIGON, J.P.G.; CAPUANI, S.; ROSA, G.M.; WASTOWSKI, A.D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.11, p. 1954-1959, 2012.

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

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

SHIMAKURA, S.E.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J. 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, D.F.; ARAÚJO, I.G.; WALTER, J.H.; WAGNER, R.B.; MENEZES, L.F.G.; ARBOITTE, M.Z. Desenvolvimento e produção de pólen em colméias de *Alpismillifera* L. africanizadas mantidas na cultura do girassol. **Revista Agrarian**, Dourados, v.3, n.8, p.147-151, 2010.

SUBRAHMANYAN, S.V.R.; KUMAR, S.S.; RANGANATHA, A.R.G. Genetic divergence for seed parameters in sunflower (*Helianthus annuus* L.). **Helia**, Novi Sad, v.26, n.38, p.73-80, 2003.

VIEIRA, E.A.; ZIMMER, P.D.; OLIVEIRA, A.C.; CARVALHO, F.I.F.; MALONE, G.; BENIN, G. Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.5, p.986-994, 2005.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênes de mamoeiro à pinta preta. **Bragantia**, Campinas, v.71, n.2 p.235-238, 2012.

VOGT, G.A.; BALBINOT JÚNIOR, 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.