

DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ESTUDO DE CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA NA CULTURA DO GIRASSOL

Andressa Basaglia¹; José Luiz da Silva¹; Juliana Parisotto Poletine¹; Marco Antônio Aparecido Barelli²; Valvenarg Pereira da Silva²

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agrônômicas, Campus Regional de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR.
E-mail: andressa_basaglia@hotmail.com; jppoletine@uem.br; joseluzizagro@hotmail.com

²Universidade 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; silvabiologo@hotmail.com

RESUMO: O girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma oleaginosa pertencente à família Asteraceae, utilizada para o consumo humano e de animais e também como plantas ornamental. O presente trabalho de revisão de literatura teve como objetivo estudar a divergência genética de genótipos de girassol, entender as correlações fenotípica, genotípica e ambiental, além de verificar a eficiência das análises de trilha. A maioria dos trabalhos revisados mostrou que há variabilidade genética para as principais características analisadas na cultura do girassol, permitindo a seleção de materiais genéticos superiores. Correlações genéticas significativas e positivas geralmente são 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. Para a análise de trilha, na maior parte dos experimentos, o efeito residual é menor que o coeficiente de determinação, representando de fato a relação causa e efeito entre as variáveis primárias e a principal escolhida.

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

GENETIC DIVERGENCE, CORRELATION STUDIES AND PATH ANALYSIS IN SUNFLOWER CROP

ABSTRACT: Sunflower specie (*Helianthus annuus* L.) is an oilseed belonging to Asteraceae family, used for human and animal consumption, also used for biodiesel production. The present study of literature review objectified to study genetic divergence of sunflower genotypes, to understand the correlation studies: phenotypic, genotypic and environmental ones, besides studying path analysis. Most papers reviewed showed that there is genetic variability for main studied characteristics in sunflower crop, allowing the selection of higher genetic materials. Significant and positive genetic correlations were generally observed between grain yield and the following characters: initial flowering, initial maturation, plant height and chapter diameter; information may be used in indirect selection for development of new genotypes with high yield potential. For path analysis, in major studies, residual effect is lower than determination coefficient, representing, in fact, the cause and effect relationship between primary variables and the main one choice.

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

INTRODUÇÃO

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

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

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

A variabilidade genética de diversas espécies vegetais gerou diversos estudos visando à seleção e combinação de genitores para a formação de híbridos que atendam aos requisitos do mercado, ou até mesmo para a formação de novas populações que apresentem determinado nível de segregação oriundas do cruzamento destes genótipos dentro do processo de melhoramento genético (Bertini et al., 2009). Nesse aspecto, por exemplo, Arshad et al. (2007) avaliaram a variabilidade genética em plantas de girassol, levando em conta características como altura de planta, tamanho de flores, teor de óleo, quantidade de massa fresca produzida assim como tolerância à seca e salinidade.

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

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

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

Em girassol, alguns trabalhos têm sido realizados com o objetivo de estimar a correlações entre diferentes características agronômicas, assim como verificar suas respectivas significâncias a fim de tornar possível a realização de seleção antecipada e indireta (Joksimovic et al., 1999; Teklewold et al., 2000; Chikkadevaia et al., 2002; Wani, 2004; Manivannan et al. 2005; Vidhyavathi et al., 2005; Farhatullah e Khalil, 2006; Hladni et al., 2006 e Nobre et al., 2018). Além disso, segundo Schuster (1996), a análise de trilha é uma ferramenta à disposição do melhorista para melhor entendimento das causas envolvidas nas associações entre caracteres.

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho de revisão de literatura foi caracterizar a variabilidade genética, além de classificar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres agronômicos, chave na cultura do girassol, e entender os desdobramentos via análise de trilha, considerando-se uma variável básica.

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 uma inflorescência na região apical, suas folhas se distribuem ao longo do mesmo, sendo em números e formas relativamente variáveis, podendo ser longo-pecioladas, 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 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 necessária 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 700mm de água bem distribuídos, resultam em rendimentos próximos ao máximo (2.700 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 genética, correlações e análise de trilha

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 e 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 intercruzamento de genótipos divergentes com características agrônomicas complementares (Miljanovic et al., 2000; Manjulaet al., 2001; Subrahmanyant 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 Agrônomo 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 agrônomicas 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.

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

Amorin et al. (2008), em trabalho com a cultura do girassol, relatam a possibilidade de seleção indireta para produtividade de grãos utilizando como referência as características diâmetro do capítulo, porcentagem de grãos normais e massa de mil grãos. Dalchiavon et al. (2016) ao estudarem 15 híbridos de girassol observaram que a correlação genética entre produtividade de grãos 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 grãos 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).

Apesar da utilidade da correlação genotípica no entendimento de caracteres complexos, a mesma não determina a importância dos efeitos diretos e indiretos dos atributos que a compõem (Furtado et al., 2002). Cruz e Carneiro (2003), afirmam que a quantificação e a interpretação da magnitude do coeficiente de correlação, entre dois caracteres, podem conduzir ao equívoco de seleção, uma vez que a elevada correlação pode ser resultado do efeito de um terceiro ou até mesmo de um grupo de caracteres. Assim, não é possível inferir se a sua estimativa foi estabelecida por verdadeiras relações de causa e efeito (Carvalho et al., 1999).

Neste contexto, a análise de trilha ou “path analysis” é um artifício que o melhorista dispõe para entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor a correlação existente em efeitos diretos e indiretos, através de uma variável principal - como o rendimento de grãos ou o teor de óleo - e as variáveis explicativas, ou seja, os componentes primários do rendimento. Para Schuster (1996), a análise de trilha reside basicamente na formulação do relacionamento causa-efeito entre as variáveis.

O rendimento de grãos, uma das variáveis geralmente avaliadas em programas de melhoramento genético do girassol, é uma característica complexa, resultante da expressão e da associação de diferentes componentes, que são considerados pelo melhorista no processo de seleção de novos genótipos (Amorim et al., 2008). Para fins de melhoramento de plantas, é importante identificar, dentre as características de alta correlação com a variável básica, aqueles de maior efeito direto em sentido favorável à seleção, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Severino et al., 2002).

Para seu uso no melhoramento de plantas, na análise de trilha é essencial identificar as características de alta correlação com a variável básica, dependente de maior efeito direto no sentido favorável à seleção, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta ocorra com eficiência (Cruz e Regazzi, 2001).

Amorim et al. (2008), estudando a cultura do girassol, concluíram via análise de trilha que o diâmetro do capítulo, a porcentagem de grãos normais e a massa de mil grãos

proporcionaram efeito direto positivo sobre a produtividade de grãos, podendo também ser utilizados na seleção indireta visando ao desenvolvimento de novos genótipos com alto potencial produtivo.

Conforme Pivetta et al. (2012), utilizando a análise de trilha na avaliação de genótipos de girassol, a seleção de materiais a partir dos componentes de produção diâmetro de capítulo, massa de grãos por capítulo, percentagem de grãos normais e massa de mil grãos ocasiona a seleção de materiais promissores em produtividade para a região de estudo, com base nas correlações significativas entre os componentes de produção e produtividade.

Nobre et al. (2018), estudando a cultura do girassol, com base nos resultados obtidos, verificaram que o estudo de correlações, as variáveis canônicas e análise de trilha são importantes no entendimento das relações entre os componentes produtivos e os caracteres vegetativos, pois as magnitudes das correlações simples nem sempre refletem adequadamente a relação causa-efeito entre caracteres. Paralelamente, concluíram especificamente para a análise de trilha que o diâmetro do capítulo é componente não utilizável para obtenção de ganhos sobre o rendimento de aquênios de girassol, bem como o número de folhas, juntamente com o efeito indireto de altura de plantas e estande, são os principais componentes de rendimento de aquênios.

A avaliação e a seleção de híbridos e variedades de girassol, ou seja, ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são realizados por meio da Rede de Ensaios de Avaliação de Genótipos de Girassol, com a instalação e condução de ensaios em todas as regiões do País, coordenadas pela Embrapa Soja e conduzida por instituições públicas e privadas (Porto et al., 2007). Nestes VCU's as informações abordadas na presente revisão de literatura são coletadas e um dos locais amostrados, 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. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.
- AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; UNGARO, M. R. G.; KIIHL, T. A. M. Correlações e análise de trilha em girassol. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 2, p. 307-316, 2008.
- ARSHAD, M.; ILYAS, M. K.; KHAN, M. A. Genetic divergence and path coefficient analysis for seed yield traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, Paquistão, 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.; 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**, Pelotas, v. 8, n. 3, 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.; 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.

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**, 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, C. G. P.; OLIVEIRA, V. R.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D. Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.4, p. 603-613, 1999.

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.

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

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 2^a 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 agronômicas de genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) em segunda safra no Chapadão do Parecis – MT. **Revista de Ciências Agrárias**, 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. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987, 279p.

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

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

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 Sunflower 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**, v.41, n.1, p.14-22, 2018.

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

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

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

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**, v. 46, v.1, p. 136-144, 2006.

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

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, AV. 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.

NOBRE, D. A. C. et al. Análise de trilha e correlação canônica nos componentes do desempenho de girassol. **The Journal of Engineering and Exact Sciences**, v.4, n.3, p.1075-1084, 2018.

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**, vol.26, n.1, p. 34-41, 2005.

PIVETTA, L. G. et al. Avaliação de híbridos de girassol e relação entre parâmetros produtivos e qualitativos. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 3, p. 561–568, 2012.

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**, 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. Brasília, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 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.

SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V.; ZAMBOLIM, L.; BARROS, U. V. Associações da produtividade com outras características agrônômicas de café (*Coffea arabica* L. “Catimor”). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, PR, v.24, n.5, p.1467-1471, 2002.

SCHUSTER, I. **Correlações, coeficientes de trilha, composição de gluteninas e qualidade do trigo para panificação**. Viçosa: UFV, 1996. 98p.

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 *Alpis millifera* 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.

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

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

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 progênies 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.

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

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal Agricultural Research**, v.20, p.557-585, 1921.