

PARÂMETROS GENÉTICOS ENTRE CARACTERES QUANTITATIVOS NO GIRASSOL COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE DE AQUÊNIOS

GENETIC PARAMETERS AMONG CHARACTERS QUANTITATIVE ON SUNFLOWER AS CRITERION DE SELECTION FOR PRODUCTIVITY DE ACHENES

Carlos Alberto Gonsiorkiewicz RIGON¹; João Paulo Gonsiorkiewicz RIGON²;
Silvia CAPUANI²

1. Acadêmico do curso de Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria-UFSM - CESNORS, campus de Frederico Westphalen, RS, Brasil, 2. Mestrandos em Agricultura, Universidade Estadual Paulista- UNESP - FCA, Botucatu, SP, Brasil. jprigon@fca.unesp.br

RESUMO: Foram conduzidos dois experimentos no sul do Brasil em sistema de semeadura direta, com objetivo de estimar os parâmetros genéticos e os efeitos diretos e indiretos dos componentes para o rendimento de aquênios como critério de seleção no girassol. Foram avaliados oito híbridos de girassol em duas localidades, sob delineamento de blocos casualizados com quatro repetições, determinados por meio dos descritores quantitativos: altura de inserção do capítulo, diâmetro do caule e capítulo, massa de 1000 aquênios, número de aquênios por capítulo, massa de aquênios por capítulo e produtividade de aquênios. As estimativas dos parâmetros genéticos foram baseadas em análise conjunta, decompondo as interações em componentes genéticos e ambientais. Considerando o coeficiente de variação genético, efeitos indiretos dos componentes e herdabilidade, há maiores possibilidades de respostas à seleção no girassol pelos descritores massa de aquênios e massa de aquênios por capítulo, sendo suas vias de associação indireta interrelacionadas para o incremento no rendimento de aquênios.

PALAVRAS-CHAVE: *Helianthus annuus*. Componentes. Rendimento de aquênios.

INTRODUÇÃO

Dentre as culturas oleaginosas, o girassol se destaca dentre as mais importantes, consistindo a fonte oléica preferida para consumo doméstico e de cozinha do mundo (HU et al., 2010). Entretanto, a base genética do girassol estreitou-se muito, devido a vários anos de seleção e domesticação que reduziram sua diversidade, quando equiparado aos materiais selvagens (NOORYAZDAN et al., 2011). Além disso, os fenômenos de agrupamento evolutivo entre genótipos foram substancialmente menos intensos nessa cultura, conforme acreditam muitos pesquisadores (FUSARI et al., 2008).

A complexidade do rendimento de grãos nas culturas varia em função de vários componentes agromorfológicos associados a produtividade e as suas interações com o ambiente (CHIKKADEVIAIAH et al., 2002). Para aumento na eficiência de seleção, a magnitude da variação fenotípica e correlações entre características, são consideradas essenciais para sucesso e aumento da produtividade, além das variações entre populações sobre influência ambiental na expressão das características (GOMES et al., 2007).

Entretanto, a seleção nestes parâmetros pode ser equivocada, pois usualmente são considerados apenas os fatores fenotípicos sem as causas

genéticas, proporcionando grande divergência quanto a variabilidade de informações. As associações genéticas entre caracteres são importantes principalmente quando refere-se a seleção indireta para características de baixa herdabilidade, quando a seleção tende a ser dificultada (IQBAL et al. 2003).

Além disso, o desdobramento das correlações entre as variáveis em efeitos diretos e indiretos, por meio da análise de trilha, auxilia os critérios de seleção, pois possibilita determinar a influência direta entre um caractere sobre outro (SINGH; NARAYANAM, 2007), enquanto que a magnitude da herdabilidade indica a confiabilidade com a qual o genótipo ser reconhecido pela sua expressão fenotípica (CHANDRABA; SHARMA, 1999).

A compreensão e conhecimento da variação e semelhanças genéticas presentes nos indivíduos ou populações, são úteis para o uso eficiente dos recursos genéticos no programa de melhoramento. A partir do conhecimento de características-chave, ocorre maior controle da herança genética e fatores ambientais que influenciam sua expressão (SAFAVI et al, 2010). Desta forma, objetivou-se com este trabalho, estimar os parâmetros genéticos e herdabilidade, além da análise de trilha como

critério de seleção de caracteres por meio de descritores quantitativos entre híbridos de girassol.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos em dois locais com solo predominantemente do tipo Latossolo Vermelho distrófico (EMBRAPA, 2006) os experimentos: um na área experimental da Universidade Federal de Santa Maria, *campus* de Frederico Westphalen (local 1), e outro na Escola Técnica Guarani no município de Guarani das Missões (local 2), ambos no estado do Rio Grande do Sul, distantes entre si 300km. Os trabalhos constaram das avaliações de oito híbridos de girassol na safra 2009/2010, com intervalo de condução de dez dias, sendo a semeadura realizada no primeiro e segundo decêndio de setembro nos locais 1 e 2, respectivamente, de clima mesotérmico úmido.

A adubação foi realizada conforme análises químicas dos solos na camada 0-20cm, frente à expectativa de rendimento de aquênios de 2,6t ha⁻¹. Os locais 1 e 2 apresentaram, respectivamente: teor de argila: 45 e 55%; pH: 5,4 e 5,2; SMP: 5,9 e 6,5; P: 4,0 e 4,5mg L⁻¹; K: 85 e 105mg L⁻¹; teor de MO: 2,4 e 2,6%; CTC: 15,8 e 17,54cmolc L⁻¹; saturação de bases: 68,5 e 77,2%. Foram realizadas duas aplicações de nitrogênio em cobertura, usando a fonte de ureia na dose de 50kg ha⁻¹ (COMISSÃO..., 2004) nos estádios V4 e V6, em ambas as localidades. As culturas antecessoras foram o azevém (*Lolium multiflorum* L.) e nabo forrageiro (*Raphanus sativus* L.), com 6,5Mg ha⁻¹ e 8,2Mg ha⁻¹ de massa seca, respectivamente, no primeiro e segundo experimento.

O delineamento utilizado foi casualizado em blocos, com três repetições. Os tratamentos constaram dos híbridos triplos Olisun 3 e Olisun 5 (alto oleicos), híbridos simples Igrasol 827, Charrua, Aguará 3, Aguará 4 e Aguará 6 e híbrido simples modificado Igrasol 830. As parcelas foram dimensionadas com cinco metros de comprimento e oito fileiras de cultivo, espaçadas a 0,7 metros, situando acima do dimensionamento mínimo de parcelas na cultura do girassol (LORENTZ et al., 2010). O estande final foi de 45 mil plantas ha⁻¹, sendo as avaliações realizadas em 20 plantas na área útil da parcela. As variáveis determinadas foram: altura de inserção do capítulo (Ica, em m); diâmetro do capítulo (Dca, em cm); diâmetro do colo da haste (Dco, em mm); número de aquênios por capítulo (Nac); massa de aquênios por capítulo (Mac em g); massa de mil aquênios (Mma em g) e produção de aquênios (Prod, em kg ha⁻¹).

Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta ao teste f a 5%, considerando tratamento fixo e ano aleatório, utilizando o modelo $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$, como sugerido por Cruz et al. (2005). Foi realizada a decomposição da interação genótipo e ambiente em estimativa do componente quadrático genotípico (σ^2_g), do componente quadrático da interação genótipo x ambiente (σ^2_{ga}), da variância residual (σ^2_r), do coeficiente de determinação genotípico (h^2), do coeficiente de variação genético (CVg) e do índice de variação (CVg / CVe). Foram analisados os efeitos diretos e indiretos sobre o rendimento de grãos por meio da análise de trilha entre as variáveis e teste tukey a 5%. As análises foram realizadas com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Embora o rendimento de grãos seja uma caráter influenciado por diversos fatores, com grandes alelos modificadores e geralmente de baixa herdabilidade, observa-se que 94% do rendimento é explicado pelos efeitos das variáveis analisadas, conforme o coeficiente de determinação (Tabela 1).

Dentre as variáveis primárias, somente Mma e Mac tiveram alta relação direta com a variável principal, totalizando coeficiente de 0,71 e 0,77 respectivamente, propiciando influência sobre as demais variáveis também nas vias de associação indireta, mas com baixa magnitude, assim como verificado por Rigon et al. (2012b).

Observa-se na Tabela 2, que a estimativa do coeficiente de determinação genotípico ou também denominado herdabilidade por efeito fixo foram altos em Dco e Nac, enquanto que para as demais variáveis, evidenciaram-se maiores dificuldades de seleção principalmente em Prod. Isto pode ser explicado pelo fato do coeficiente de determinação genotípico indicar que a seleção pode apresentar menor eficiência em ambientes conjuntos que naqueles individuais (VASCONCELOS et al. 2012). No entanto, as altas estimativas nos componentes de produção associadas à estimativas de correlação direta com o rendimento, possibilita a seleção indireta de componentes para aumento da produtividade (CORREA et al., 2012)

A relação entre o coeficiente de variação genético e ambiental (CVg/CVe), constituem medidas de influência do ambiente sobre o desempenho dos genótipos, sendo parâmetros de confiabilidade no sucesso de seleção em indivíduos superiores (FALUBA, et al. 2010). Houve baixo coeficiente de variação genético (CVg), tabela 2, decorrente da restrita variabilidade fenotípica com

expressão genética entre os híbridos comerciais. Isto ocorre em função dos materiais serem melhorados, apesar de haver certa dissimilaridade entre os genótipos em estudo, conforme Rigon et al., (2012a). A amplitude do coeficiente de variação

genético foi de 2,53 (Prod) à 8,27 (Dco), observando que as variáveis mais distintas entre os genótipos foram Dco seguida por Nac, enquanto que para as demais a possibilidade de progresso na seleção é reduzida pelo baixo CVg.

Tabela 1. Efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas do rendimento de grãos entre cultivares de girassol avaliadas em duas safras.

FV	Vias de Associação	p	FV	Vias de Associação	P	FV	Vias de Associação	P
Ic	Direto sobre Prod	-0,40	Dca	Direto sobre Prod	0,3	Dco	Direto sobre Prod	0,02
	Indireto via Dca	-0,02		Indireto via Ic	-0,15		Indireto via Ic	0,12
	Indireto via Dco	0,01		Indireto via Dco	0,01		Indireto via Dca	0,01
	Indireto via Mma	0,14		Indireto via Mma	0,15		Indireto via Mma	0,09
	Indireto via Nac	0,11		Indireto via Nac	0,25		Indireto via Nac	-0,01
	Indireto via Mac	0,05		Indireto via Mac	-0,14		Indireto via Mac	-0,17
	Total	-0,12		Total	0,42		Total	0,06
Mma	Direto sobre Prod	0,6	Nac	Direto sobre Prod	-0,15	Mac	Direto sobre Prod	0,64
	Indireto via Ic	-0,09		Indireto via Ic	0,3		Indireto via Ic	-0,03
	Indireto via Dca	0,01		Indireto via Dca	0,03		Indireto via Dca	0,01
	Indireto via Dco	0,01		Indireto via Dco	0,01		Indireto via Dco	-0,01
	Indireto via Nac	0,01		Indireto via Mma	-0,04		Indireto via Mma	0,19
	Indireto via Mac	0,2		Indireto via Mac	0,17		Indireto via Nac	-0,04
	Total	0,74		Total	0,32		Total	0,76

Coeficiente de determinação 0,94

Efeito residual 0,23

Tabela 2. Estimativa do componente quadrático genotípico (σ^2_g), do componente quadrático da interação genótipo x ambiente (σ^2_{ga}), da variância residual (σ^2_r), do coeficiente de determinação genotípico (h^2), do coeficiente de variação genético (CVg) e do índice de variação (CVg / CVe) e Média a e b dos híbridos nas variáveis no Local 1 e 2, respectivamente.

Parâmetros	IC	DCA	DCO	MMA	NAC	MAC	PROD
σ^2_g	0,001	0,392	6,167	3,203	4606,722	7,834	4805,535
σ^2_{ga}	0,007	1,102	2,104	15,260	1291,242	55,789	95770,432
σ^2_r	0,015	1,792	3,987	9,333	4664,148	12,385	143444,086
h^2 (%)	48,450	56,769	90,272	48,034	74,093	42,969	46,736
CVg (%)	2,870	3,14	8,270	2,588	5,248	3,330	2,533
CVg/CVe	0,322	0,467	1,243	0,254	0,690	0,330	0,183
Média a	1,277	20,052	26,089	59,985	1386,053	81,940	2408,115
Media b	1,485	19,844	33,966	78,275	1200,160	86,137	3064,325

Percebe-se que o efeito da interação genótipo x ambiente é maior do que os valores dos componentes quadráticos genotípicos para as variáveis, além do efeito da variação residual relativamente alto. Foi evidenciado que os componentes Mac e Mma tem efeito direto com influência indireta sobre o rendimento de grãos e

sobre os demais componentes (Tabela 1), porém, a seleção com base somente nestes fatores torna-se prejudicada, pois os valores residuais no geral superaram os efeitos genéticos, e portanto, poucos responsivos.

As estimativas de correlações fenotípica (rF), genotípica (rG) e ambiental (rE) entre os

caracteres avaliados (Tabela 3), indicam boa concordância dos sinais e de intensidade entre as correlações fenotípicas e genotípicas, apresentando as correlações genotípicas. A concordância de sinais entre correlações genotípica e ambiental, assim

como observada entre a correlação fenotípica e genotípica, são parâmetros que indicam baixo erro de amostragem e/ou na estimativa dos parâmetros avaliados (FALCONER, 1981).

Tabela 3. Estimativa dos coeficientes de correlação genotípica (rg), fenotípica (rf) e ambiental (ra) dos componentes entre os híbridos de girassol.

Variável	r	DCA	DCO	MMA	NAC	MAC	PROD
IC	f	0,36	-0,32	0,24	-0,76	0,08	-0,12
	g	0,55	-0,44	0,46	-0,34	0,06	-0,44
	a	-0,44	0,25	-0,47	-0,08	0,10	0,06
DCA	f		-0,13	0,11	-0,48	-0,22	0,42
	g		-0,28	-0,27	-0,61	-0,21	0,24
	a		0,32	0,38	-0,24	-0,24	-0,16
DCO	f			0,17	0,04	-0,27	0,06
	g			0,34	0,07	-0,43	0,14
	a			-0,01	-0,09	0,00	0,10
MMA	f				-0,08	0,32	0,74
	g				0,13	0,33	0,73
	a				-0,32	-0,07	0,07
NAC	f					0,27	0,31
	g					0,14	0,50
	a					0,50	0,30
MAC	f						0,77
	g						0,85
	a						0,59

Os altos coeficientes de correlação fenotípica entre a produtividade de aquênios com as variáveis diâmetro do capítulo, massa de mil aquênios, número de aquênios e massa de aquênios por capítulo corrobora com inúmeros pesquisadores (KAYA et al. 2007; HLADNI et al, 2006; ÖZTÜRK; Ada 2009; NOORYAZDAN et al. 2010. Quanto as correlações genéticas, verificou-se boa magnitude entre massa de mil aquênios e massa e número de aquênios por capítulo, como verificado por Teklewold et al., (2000) e Syed et al., (2004) . Estas associações indicam a possibilidade de se promover seleção indireta em importantes características, pois a variação ambiental é reduzida principalmente em Mac, com boas associações

sobre o rendimento de aquênios. A identificação destas interações, além de constituírem componentes de fácil mensuração, tende a facilitar a seleção de plantas.

CONCLUSÃO

Considerando o coeficiente de variação genético, efeitos indiretos dos componentes e herdabilidade, há maiores possibilidades de respostas à seleção no girassol pelos descritores massa de aquênios e massa de aquênios por capítulo, sendo suas vias de associação indireta inter-relacionadas para o incremento no rendimento de aquênios.

ABSTRACT: Two experiments were conducted in southern Brazil in no-tillage system, in order to estimate genetic parameters and the direct and indirect effects of components for achene yield as a selection criterion in sunflower. We analyzed eight sunflower hybrids at two locations, in a randomized complete block design with four replicates, determined through quantitative descriptors: insertion height of the head, and head stem diameter, weight of 1000 achenes, number of achenes per head, mass by achene head and yield achene. Estimates of genetic parameters were based on combined analysis, decomposing interactions in genetic and environmental components. Considering the coefficient of genetic variation, indirect effects of components and heritability, there are higher possibilities for responses to selection in

sunflower achenes by descriptors mass and mass of achenes per head, with its indirect association interrelated pathways for the increase in the achenes of yield.

KEYWORDS: *Helianthus annuus*. Components. Achene yield.

REFERÊNCIAS

- CHANDRABABU, R. J. AND R. K. SHARMA. Heritability estimates in almond [*Prunus dulcis* (Miller)]. **Scientia Horticulture**, Amsterdam, v. 79, n. 3, p. 237-243, 1999.
- CHIKKADEVAIAH, H.; SUJATHA, H. L.; NANDINI, C. Correlation and path analysis in sunflower. **Helia**, Novi Sad, v. 25, n. 37, p. 109-118, 2002.
- COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO - RS/SC). **Manual de adubação e calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina**. 10.ed. Porto Alegre: SBCS - Núcleo Regional Sul/UFRGS, 2004. 400p.
- CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. de A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 88-94, 2012.
- CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. UFV: Viçosa. 394 p., 2005.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. UFV: Viçosa, 2006.
- EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Rio de Janeiro, 2006. 412p.
- FALUBA, J. S. MIRANDA, G. V.; de LIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n. 6, p. 1250 - 1256, 2010.
- FUSARI, C. M. et al. Identification of single nucleotide polymorphisms and analysis of sinkage disequilibrium in sunflower elite inbred lines using the candidate gene approach. **BMC Plant Biology**, Londres, v. 8, n. 7, p. 1-14, 2008.
- GOMES, C. N.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 1121-1130, 2007.
- HLADNI, N. et al. 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. 342 p.
- IQBAL, M. CHANG, M. A.; IQBAL, M.Z.; HASSAN, M.A.; ISLAM, N. Correlation and path co-efficient analysis of Earliness and Agronomic Characters of Upland Cotton in Multan. **Pakistan Journal of Agronomy**, New Delhi, v. 2, p. 160-16, 2003.
- KAYA, Y. EVC, G.; DURAK, S.; PEKCAN, V.; GÜÇE, T. Determining the relationships between yield and yield attributes in sunflower. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, Adana, v. 1, n. 31, p. 237-244, 2007.

LORENTZ, L. H. et al. Plot size and experimental precision for sunflower production. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 67, n. 4, p. 408-413, 2010.

NOORYAZDAN, H. et al. Construction of a crop - wild hybrid population for broadening genetic diversity in cultivated sunflower and first evaluation of its combining ability: the concept of neodomestication. **Euphytica**, Wageningen, v. 178, n. 3, p. 159-175, 2011.

ÖZTÜRK, Ö., ADA, R. Correlation and path coefficient analysis of yield and quality components of some sunflower (*Helianthus annuus* L.) cultivars. **Asian Journal of Chemistry**, Ghaziabad, v. 21, n. 2, p. 1400-1412, 2009.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M. da; WASTOWSKI, A. D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 11, Nov. 2012a.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETTO, J. F. de.; ROSA, G. M. da.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012b.

SAFAVI, S. A.; POURDAD, S. S.; TAEB, M.; KHOSROSHAHLI, M. Assessment of Genetic Variation among Safflower (*Carthamus tinctorius* L.) Accessions using Agro-morphological Traits and Molecular markers. **Journal of Food Agriculture and Environment**, Helsinki, v. 8, n. 34, p. 616-620, 2010.

SINGH, P.; NARAYANAM, S. S. **Biometrical Techniques in Plant Breeding**, ed. Kalyani Publishers. 2007. 325 p.

SYED, W. H.; SYED, S. M.; HASNAIN, S. Variability for agronomic traits in sunflower random mating populations : Correlations estimated gains from selection and correlated response to selection. **Helia**, Novi Sad, v. 27, p. 85-98, 2004.

TEKLEWOLD, A.; JAYARAMAIAH, H.; JAGADEESH, B. N. Correlations 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.

VASCONCELOS, E. S. de.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.