

Brasília, DF / Novembro, 2025

Caracterização de linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅ via análises genético-biométricas

Willame dos Santos Candido⁽¹⁾, Bruno Galvêas Laviola⁽²⁾, Cíntia Gonçalves Guimarães⁽³⁾, Letícia Karen dos Santos⁽³⁾, Erina Vítório Rodrigues⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Professor da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC. ⁽²⁾ Pesquisador da Embrapa Agroenergia, Brasília, DF. ⁽³⁾ Bolsistas da Embrapa Agroenergia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾ Professora da Universidade de Brasília, Brasília, DF.

Resumo — O objetivo deste estudo é realizar a caracterização de linhagens de canola com base em análises genético-biométricas de diversidade, parâmetros genéticos e correlações em caracteres morfoagronômicos e de rendimento. O experimento foi instalado na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, em março de 2024. Foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três blocos e com 26 tratamentos, sendo 24 linhagens F₅ e duas testemunhas, Diamond e Nuola 300. Cada parcela experimental apresentou tamanho de 3,2 m². O sistema de cultivo foi em sequeiro, na época de safrinha. Foram avaliados os caracteres: altura de plantas; florescimento; ciclo; peso de mil sementes; produtividade; comprimento, diâmetro e número de sementes por siliquas; porcentagem de óleo e proteína; e massa seca de raiz. As análises dos dados foram realizadas no software Genes. Observou-se a formação de três grupos de dissimilaridade, sendo o primeiro grupo formado pelas linhagens que apresentaram ciclo mais precoce e o segundo grupo formado pelas linhagens de ciclo intermediário. De acordo com a formação dos grupos, é possível indicar linhagens para blocos de cruzamentos, podendo ser realizadas hibridações entre as linhagens do primeiro com o segundo grupo. Os resultados de correlações indicaram que os caracteres avaliados estão fortemente inter-relacionados, podendo auxiliar na definição de estratégias de seleção em programas de melhoramento. Os caracteres número de dias para florescimento, produtividade e número de sementes por siliquas apresentaram os maiores ganhos genéticos. Com esses resultados será possível explorar a variabilidade existente, para continuidade da seleção.

Termos para indexação: *Brassica napus*, diversidade genética, ganhos genéticos, seleção genotípica, tropicalização da canola.

Characterization of partially inbred F₅ rapeseed lines via genetic-biometric analyses

Abstract — The aim of the study is to characterize rapeseed lines based on genetic-biometric analyses of diversity, genetic parameters and correlations for morpho-agronomic traits and yield. The experiment was conducted at

Embrapa Agroenergia
Parque Estação Biológica
(PqEB), s/nº
70770-901, Brasília, DF
www.embrapa.br/agroenergia
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
Presidente
Juliana Evangelista
da Silva Rocha

Secretário-executivo
Antonio Claudio da Silva Barros

Membros
Agnaldo Rodrigues de Melo
Chaves, Alexandre Nunes
Cardoso, Diogo Keiji Nakai, João
Ricardo Moreira de Almeida,
Leonardo Fonseca Valadares,
Livia Teixeira Duarte, Rosana
Falcão e Sérgio Saraiva
Nazareno dos Anjos

Edição executiva
Cristiane Pereira de Assis

Revisão de texto
Antonio Claudio da Silva Barros

Normalização bibliográfica
Iara Del Fiaço Rocha
(CRB-1/2169)

Projeto gráfico
Leandro Sousa Fazio

Diagramação
Ana Szerman

Publicação digital: PDF

Todos os direitos
reservados à Embrapa.

Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brazil experimental station in March 2024. It was arranged in a randomized block design with three blocks and 26 treatments, consisting of 24 F_5 lines and two controls, Diamond and Nuola 300. Each experimental plot had an area of 3.2 m². The cropping system was rainfed, during the off-season. The following traits were evaluated: plant height; flowering; cycle; one-thousand seeds weight; yield; length, diameter and number of seeds per silique; oil and protein content; and root dry mass. Data analysis was performed using the Genes software. Three groups of dissimilarity were identified: the first group consisted of lines with an earlier cycle, while the second group included lines with an intermediate cycle. Based on the group formation, lines can be selected for crossing blocks, with hybridizations possible between lines from the first and second groups. Correlation results indicated that the evaluated traits were strongly interrelated, which may assist in defining selection strategies for breeding programs. The traits days to flowering, yield, and number of seeds per silique exhibited the highest genetic gains. These results will enable the exploitation of the existing variability for continued selection.

Index terms: *Brassica napus*, genetic diversity, genetic gains, genotypic selection, rapeseed adaptation to tropical environments.

Introdução

A canola (*Brassica napus* L. var. *oleífera*) é uma oleaginosa pertencente à família Brassicaceae, originada por meio do melhoramento genético de duas espécies de colza: *Brassica oleraceae* e *Brassica rapa* (Canola Council of Canada, 2024). Com grande importância mundial, é amplamente cultivada e ocupa a terceira posição entre as oleaginosas mais utilizadas para produção de óleo, ficando atrás apenas da palma de óleo e da soja (Estados Unidos, 2023). No Brasil, seu cultivo concentra-se na região Sul, mas há potencial para expansão em outras regiões. Em 2024, a produção total no País foi de 146.500 toneladas de grãos, em uma área de aproximadamente 92.100 hectares (Conab, 2024).

O óleo de canola possui elevado valor nutricional, o que o torna uma opção saudável para a indústria alimentícia, por causa de baixo teor de ácidos graxos saturados, alto teor de ácidos graxos monoinsaturados e equilíbrio entre os ácidos ômega-6 e ômega-3 (CanolaInfo, 2024). Além disso, pode

ser utilizado na produção de biocombustíveis (Finco et al., 2012; Wolinetz; Hein, 2017), contribuindo para a diversificação da matriz energética. O farelo resultante da extração do óleo é fonte de proteína que pode ser empregado na alimentação animal (Yang et al., 2013; Paula et al., 2020). A canola também é uma excelente alternativa para rotação de culturas, representando uma opção viável para o cultivo no período da safrinha.

Dada sua importância socioeconômica, é fundamental investir esforços na caracterização de sua variabilidade genética, pois essa é a ferramenta fundamental para o desenvolvimento de genótipos promissores. O gênero *Brassica* inclui cerca de 100 espécies com grande variabilidade genética. A espécie *Brassica napus* L. apresenta reprodução mista, com mais de 20% de fecundação cruzada (Grigolo et al., 2017), resultando em alta variabilidade genética na espécie (Laviola et al., 2022). No melhoramento de plantas, a seleção de parentais constitui uma etapa importante no êxito do programa. Assim, estudos sobre divergência genética são essenciais, pois fornecem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz et al., 2012).

Para analisar a diversidade genética, podem ser utilizadas técnicas multivariadas, que permitem avaliar vários caracteres simultaneamente. Dentre os métodos de agrupamento disponíveis, estão o Unweighted Pair Group Mean Average (UPGMA) e o método de Tocher. Ambos têm sido utilizado na cultura da canola (Rahman et al., 2015; Laghari et al., 2023). Embora a canola apresente alta diversidade genética, há baixa disponibilidade de genótipos adaptados às condições tropicais. Além disso, todos eles são importados. Portanto, é essencial conduzir estudos de diversidade genéticas desses genótipos para explorar hibridações e, posteriormente, selecionar populações promissoras.

Após a quantificação da diversidade genética, em uma determinada espécie, uma etapa fundamental é a seleção de genótipos promissores para o avanço de gerações. Nesse contexto, as estimativas de ganho genético são cruciais para orientar a seleção de genótipos de canola, pois indicam o potencial de melhoria de características agrônômicas desejáveis. Essas estimativas avaliam o progresso obtido de uma geração para outra, auxiliando na escolha de metodologias de seleção mais eficientes e na definição de estratégias que maximizem a variabilidade genética disponível. Vários estudos reportam que a importância das estimativas de ganho

genético permite selecionar genótipos com maior potencial para o avanço em caracteres de interesse na canola, como a produtividade de grãos (Ahad et al., 2020; Parvin et al., 2020; Singh et al., 2022; Cowling et al., 2023).

O objetivo deste estudo é realizar a caracterização de linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅ com base em análises genético-biométricas de diversidade, parâmetros genéticos e correlações em caracteres morfológicos, agrônômicos e de rendimento.

Material e métodos

O experimento foi instalado na área experimental Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°36'16"S e 47°43'16"W e altitude de 1.034 m, no mês de março de 2024. Os genótipos (linhagens F₅ + híbridos testemunhas) foram avaliados em sistema de cultivo sequeiro, com um total de chuva acumulado de 101,7 mm, complementado com irrigação por aspersão de 200 mm na fase inicial de desenvolvimento da cultura, na época de safrinha. A temperatura do ar e a precipitação pluvial ocorridas nos meses de avaliação estão apresentadas na Figura 1.

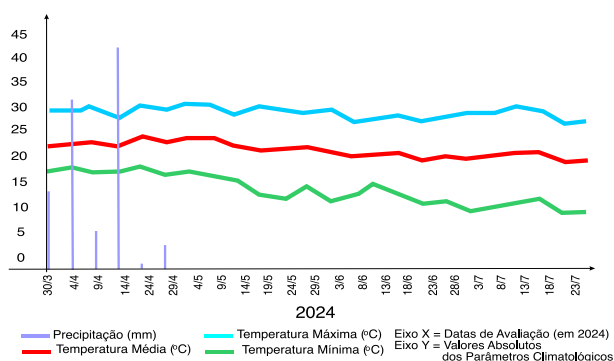


Figura 1. Precipitação pluviométrica e temperatura máxima, média e mínima ocorridas durante a condução do experimento de canola. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Fonte: Embrapa Cerrados (2024).

O solo amostrado da área experimental apresentou as seguintes características químicas: pH em água (H₂O): 6,2; matéria orgânica: 29,2 g kg⁻¹; fósforo (P): 3,3 mg dm⁻³; potássio (K): 0,40 cmolc dm⁻³; cálcio (Ca): 4,4 cmolc dm⁻³; magnésio (Mg): 1,4 cmolc dm⁻³; acidez potencial (H + Al): 3,0 cmolc dm⁻³; soma de bases (SB): 6,3 cmolc dm⁻³; capacidade de troca catiônica (CTC): 9,3 cmolc dm⁻³ e saturação por bases (V%) : 67%.

O preparo do solo consistiu na passagem de uma gradagem aradora, grade média, para destorroamento do solo, seguida de uma grade niveladora para uniformização do solo da área experimental. As adubações de plantio e de cobertura foram realizadas conforme a análise de solo e a recomendação de adubações para a cultura da canola (Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2016).

O controle de pragas foi feito conforme as recomendações convencionais, com aplicação de inseticidas de acordo com as necessidades da cultura. O controle de plantas daninhas foi realizado manualmente com uso de enxadas.

O experimento foi instalado em delineamento de blocos ao acaso, com três blocos, onde foram avaliados 26 genótipos de canola, sendo 24 linhagens parcialmente endogâmicas F₅ (Tabela 1), oriundas do programa de melhoramento genético da canola da Embrapa Agroenergia, e dois híbridos testemunhas (Diamond e Nuola 300), constituindo assim 26 tratamentos. Cada parcela experimental foi construída no tamanho de 1,6 x 2,0 m, totalizando área de 3,2 m². A parcela útil, para coleta de dados das plantas, foi constituída de 1,0 m².

As avaliações foram realizadas, aproximadamente, entre 87 e 119 dias após o plantio. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de plantas (ALT, m), mensurada por meio de uma trena graduada em metros; número de dias para início do florescimento (NDIF, dias), mensurado por meio da contagem de dias do plantio até o florescimento de aproximadamente 50 a 60% das plantas da parcela; ciclo (Ciclo, dias), mensurado por meio da contagem de dias do plantio até o dia da realização da colheita da parcela útil; peso de mil sementes (P1000S, g), obtido pela contagem de mil sementes e posterior pesagem em balança; produtividade de sementes (Prod, kg ha⁻¹), obtida pela pesagem total das sementes das plantas da parcela útil em balança; comprimento de síliquas (Comps, cm), mensurado por meio de uma régua graduada; diâmetro de síliquas (Diams, mm), mensurado por meio de um paquímetro digital graduado em milímetros; número de sementes de síliquas (NSS), mensurado por meio da abertura e contagem do número de sementes dentro de 10 síliquas aleatórias; porcentagem de óleo (%Óleo, porcentagem), determinada de acordo com a norma da AOCS Am – 5-04, na qual determina-se o teor de óleo presente no grão utilizando o equipamento Ankom XT15 e bolsa de filtro Ankom XT4, utilizando como solvente éter de petróleo; porcentagem de proteínas (%Prot, porcentagem), determinada pelo método de combustão de acordo

com o método AOCS Ba 4e-93; e massa seca de raiz (MSR, g), obtida pela pesagem de cinco raízes coletadas da área útil da parcela experimental, com posterior secagem em estufa de secagem a 65 °C.

Tabela 1. Código e número de identificação de linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 caracterizadas por análises genético-biométricas. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Linhagem	
Código	Número de identificação
NaceD P 15-2	1
NaceD P 26-2	2
NaceD P 31-1	3
NaceD P 31-2	4
NaceD P 31-3	5
NaceD P 34-2	6
NaceD P 37-1	7
Nace61 PS 3-1	8
Nace61 PS 4-1	9
Nace61 PS 5-2	10
Nace61 PS 5-3	11
Nace61 PS 40-1	12
Nace76 P 3-2	13
Nace76 PS 3-3	14
Nace76 PS 100-1	15
Nace76 P 12-2	16
Nace76 P 16-2	17
Nace76 P 41-3	18
Nace76 P 42-1	19
NaceD L2.3 - P 6-3	20
NaceD L3.3 - P 6-1	21
NaceD L3.3 - P 6-3	22
NaceD L3.3 - P 6-4	23
NaceD L3.4 - P 5-1	24
Diamond	25
Nuola 300	26

As análises dos dados obtidos para o conjunto de caracteres avaliados foram realizadas com o auxílio do software Genes (Cruz, 2013).

Foi realizado o cálculo das distâncias genéticas entre as linhagens avaliadas, que foram estimadas por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Cruz et al., 2011). Foi aplicado o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das características para a divergência genética entre as linhagens. Além disso, com base na matriz de distância, construída a partir das distâncias de Mahalanobis, aplicaram-se os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA.

As estimativas de parâmetros genéticos foram realizadas para todos os caracteres analisados no conjunto de linhagens avaliadas segundo Cruz et al. (2014). O coeficiente de herdabilidade foi calculado com uso da Equação 1:

$$h^2 = V_g/V_f \times 100 \quad (1)$$

em que

h^2 = estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito.

V_g = estimativa da variância genotípica.

V_f = estimativa da variância fenotípica.

O cálculo do coeficiente de variação genética foi obtido com uso da Equação 2:

$$CV_g = (V_g/m) \times 100 \quad (2)$$

em que

CV_g = coeficiente de variação genética.

V_g = estimativa do desvio-padrão genotípico.

m = média observada da característica.

Foi estimado o coeficiente de correlação genotípica (Falconer, 1987), com uso do método de bootstrap com 5.000 simulações para verificar o nível de significância das correlações. Estas foram estimadas para definir os caracteres correlacionados como principais em critérios de seleção.

O ganho genético por seleção foi estimado por meio do índice de seleção de Mulamba e Mock (1978). Foi adotado como estratégia o sentido da seleção inferior para os caracteres NDIF e Ciclo, enquanto para os demais caracteres foram assumidas a estratégia de seleção no sentido superior e a utilização de pesos econômicos, conforme demonstrado na Tabela 2.

Tabela 2. Sentido da seleção e pesos econômicos utilizados no índice de Mulamba e Mock para estimar ganhos genéticos para caracteres morfoagronômicos em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 . Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Variável ⁽¹⁾	Sentido da seleção	Peso econômico
ALT	Superior	1
NDIF	Inferior	1
Ciclo	Inferior	2
P1000S	Superior	1
Prod	Superior	4
Comps	Superior	1
Diams	Superior	1
NSS	Superior	1
%Oleo	Superior	3
%Prot	Superior	1
MSR	Superior	1

⁽¹⁾ALT = altura de plantas (m); NDIF = número de dias para início do florescimento (dias); Ciclo = ciclo em dias; P1000S = peso de mil sementes (g); Prod = produtividade de sementes (kg ha⁻¹); Comps = comprimento de síliquas (cm); Diams = diâmetro de síliquas (mm); NSS = número de sementes de síliquas; %Oleo = porcentagem de óleo (%); %Prot = porcentagem de proteínas (%) e MSR = massa seca de raiz (g).

Resultados e discussão

Teste de comparação de médias de Scott e Knott em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 do programa de melhoramento genético

Houve formação de grupos de linhagens, pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, para diversos caracteres avaliados, possibilitando a seleção de linhagens superiores para formação de blocos de cruzamentos.

Para os caracteres P1000S e Prod, foi observada a formação de apenas um grupo. Isso sugere que, para esses caracteres, apesar de haver variação genética, ela é relativamente homogênea entre os genótipos avaliados, indicando que as linhagens têm um desempenho similar quanto ao potencial produtivo e ao tamanho das sementes. Para os caracteres Comps, Diams, NSS e MSR, foram formados dois grupos. Esses caracteres mostraram maior variação, provavelmente porque estão mais diretamente ligados ao desenvolvimento morfológico da planta e à eficiência na produção de sementes. Os caracteres NSS e MSR, em particular, são bons

indicadores de potencial de rendimento e adaptação ao solo. Resultados próximos foram encontrados no trabalho de tropicalização de canola, quando avaliados híbridos de canola no Cerrado brasileiro, realizado por Araújo et al. (2021), corroborando os resultados encontrados no presente estudo.

Já para os caracteres Ciclo, %Oleo e %Prot foi observada a formação de três grupos. A variação maior entre esses caracteres pode estar associada a adaptações ao ambiente de cultivo e a um maior potencial para melhoramento genético dos referidos caracteres. Para os caracteres ALT e NDIF, foi observada a formação de quatro e cinco grupos, respectivamente, denotando que esses caracteres têm uma variação genética considerável, o que pode ser interpretado como uma ampla diversidade genética relacionada ao desempenho das plantas em diferentes condições ambientais. Os caracteres que formaram mais de um grupo indicam variabilidade entre os genótipos avaliados e possibilidade de selecionar genótipos superiores para o programa de melhoramento genético da canola. Shafieian et al. (2024), avaliando variedades de colza com relação a características quantitativas e qualitativas, verificaram que os resultados da análise de variância mostraram que o efeito do genótipo em relação a todas as características resultou em diferenças significativas, permitindo selecionar variedades superiores, corroborando os resultados encontrados no presente estudo.

Análise de diversidade genética em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 do programa de melhoramento genético

As medidas de dissimilaridade foram estimadas a partir das distâncias de Mahalanobis, sendo encontrados resultados indicando uma elevada magnitude das distâncias (10,14 a 395,35). A maior distância encontrada foi entre as linhagens 19 e 20 (395,35), seguidas pelas linhagens 19 e 23 (386,33) e ainda entre as linhagens 19 e 22 (385,93). A menor distância foi verificada entre as linhagens 23 e 24 (10,14). Dessa forma, houve divergência entre pares de genótipos estudados, indicando grande variabilidade, sendo semelhantes aos resultados obtidos em outros trabalhos com a cultura da canola (Ahmad et al., 2021). É importante ressaltar que entre os genótipos mais divergentes estão a linhagem 19, que apresentou um alto teor de óleo (35,64%), e a linhagem 20, que apresentou uma alta produtividade de grãos (1.751 kg ha⁻¹) e ciclo curto (94 dias), sendo esses caracteres constituintes do grupo de maior importância para a cultura da canola.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada caráter para a expressão da divergência genética indicou que os caracteres NDIF (51,78%) e %Oleo (25,96%) foram os que mais contribuíram para a divergência genética entre os 26 genótipos de canola estudados (Tabela 3). O início do florescimento, representando aproximadamente 52% da contribuição, é um caráter-chave para a canola, pois está intimamente relacionado à adaptação ao ambiente e ao ciclo de produção. A porcentagem de óleo, representando aproximadamente 26%, é outro caráter que tem grande relevância em programas de melhoramento de canola, pois é um dos principais componentes de valor econômico da cultura. Esses resultados concordam com os de Ilyas et al. (2018), trabalho em que também foi observado que o caráter início do florescimento foi o que mais contribuiu para a diversidade genética dos genótipos de canola.

Tabela 3. Contribuição relativa dos 11 caracteres agromômicos avaliados para o estudo de diversidade genética em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 , segundo o critério de Singh (1981). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Caractere ⁽¹⁾	S.j. ⁽²⁾	Valor em %
ALT	2756,00	5,99
NDIF	23835,51	51,78
Ciclo	0,00	0,00
P1000S	673,07	1,46
Prod	619,28	1,35
Comps	1275,14	2,77
Diams	982,56	2,13
NSS	1069,94	2,32
%Oleo	11950,01	25,96
%Prot	2088,92	4,54
MSR	781,65	1,70

⁽¹⁾ ALT = altura de plantas (m); NDIF = número de dias para início do florescimento (dias); Ciclo = ciclo em dias; P1000S = peso de mil sementes (g); Prod = produtividade de sementes (kg ha⁻¹); Comps = comprimento de siliquas (cm); Diams = diâmetro de siliquas (mm); NSS = número de sementes de siliquas; %Oleo = porcentagem de óleo (%); %Prot = porcentagem de proteínas (%) e MSR = massa seca de raiz (g).

⁽²⁾ S.j.: contribuição da variável x para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i'.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseado na matriz de Mahalanobis, organizou os 26 genótipos em três grupos (Tabela 4). Desses, o grupo 3 foi constituído por apenas um

genótipo (26), enquanto os grupos 1 e 2 foram formados por 14 e 11 genótipos, respectivamente. A formação de três grupos neste trabalho indica a existência de variabilidade entre as linhagens testadas.

O dendrograma (Figura 2) representa o agrupamento pelo método Ligação Média Entre Grupos (UPGMA) dos 26 genótipos de canola, a partir da distância generalizada de Mahalanobis. O corte no dendrograma foi efetuado a aproximadamente 60%, ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível. Nota-se a formação de três grandes grupos, sendo que o primeiro grupo foi formado pelas linhagens 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 20, 21, 22, 23 e 24, que apresentaram ciclo mais precoce e com menor número de dias para início do florescimento, e o segundo grupo foi formado pelas linhagens 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 e 19, de ciclo intermediário. Em estudos realizados por Houmanat et al. (2023), foi verificada divergência genética entre 22 variedades comerciais e foi observada a formação de quatro grupos pelo método UPGMA. Esses resultados corroboram com a formação de grupos encontrada no presente trabalho.

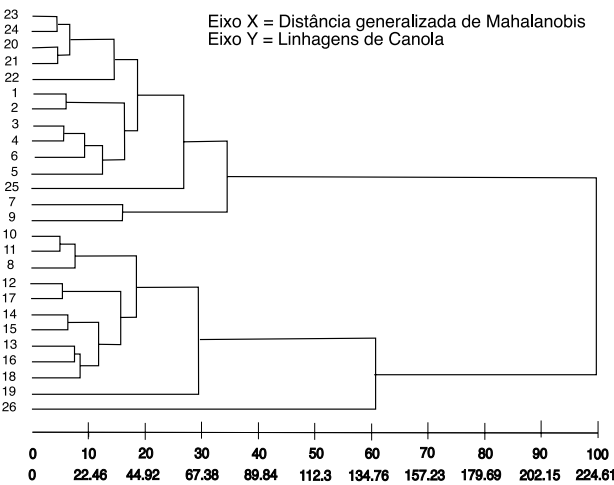


Figura 2. Dendrograma obtido entre linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 , pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

De acordo com a formação dos grupos, é possível indicar algumas linhagens para esquemas de blocos de cruzamentos. Podem ser realizadas hibridações utilizando-se as linhagens do primeiro com as do segundo grupo, pois elas possuem características complementares. Com esses cruzamentos, será possível explorar a variabilidade existente, para continuidade do processo seletivo, com possibilidades de obtenção de novas cultivares híbridas produtivas, de ciclo precoce e portadoras de bons atributos agromômicos.

Tabela 4. Agrupamento de otimização entre linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅, obtido pelo método de Tocher com base em 11 caracteres, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Grupo	Linhagem														
1	23	24	20	21	2	1	3	4	6	5	22	25	7	9	
2	10	11	8	13	18	16	15	14	12	17	19				
3	26														

Análise de parâmetros genéticos em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅ do programa de melhoramento genético

Os parâmetros genéticos em uma determinada população são subsídios para nortear as estratégias de melhoramento visando obter êxito com a seleção. As estimativas da variância genotípica e do coeficiente de herdabilidade são os parâmetros mais importantes para a quantificação do potencial de melhoramento da população. No entanto, para uma interpretação mais fidedigna da variação ambiental,

deve-se observar a relação CVg/CVe (coeficiente de variação ambiental). Se ela for acima de 1,0, indica que há variabilidade genética maior que a ambiental, sugerindo que a seleção pode ser eficaz (Vencovsky; Barriga, 1992). Assim, observa-se que os caracteres altura, número de dias para início do florescimento, ciclo, percentual de óleo e percentual de proteína apresentaram valores de CVg/CVe acima de 1,0, indicando potencial de seleção para essas características (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas de parâmetros genéticos⁽¹⁾ de caracteres avaliados⁽²⁾ em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Parâmetro genético	ALT	NDIF	Ciclo	P1000S	Prod	Comps
CVg (%)	12,86	29,69	7,91	4,45	20,23	10,93
CVg/CVe	1,55	5,48	1,02	0,33	0,27	0,91
S ² Genética	0,0242	87,729	62,591	0,031	66602,152	0,177
S ² Ambiental	0,010	2,917	60,277	0,283	915207,880	0,215
Herdabilidade (%)	87,76	98,9	75,7	24,99	17,92	71,2
Parâmetro genético	Diams	NSS	%Óleo	%Prot	MSR	
CVg (%)	7,45	21,03	12,97	3,75	31,44	-
CVg/CVe	0,81	0,85	1,97	1,35	0,77	-
S ² Genética	0,041	7,025	15,122	1,472	1,592	-
S ² Ambiental	0,062	9,753	3,886	0,811	2,690	-
Herdabilidade (%)	66,57	68,36	92,11	84,48	63,97	-

⁽¹⁾ CVg(%) = Coeficiente de variação genético; CVe: Coeficiente de variação experimental CVg/CVe = Razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental; S² Genética = Variância genética; S² Ambiental = Variância ambiental.

⁽²⁾ ALT = altura de plantas (m); NDIF = número de dias para início do florescimento (dias); Ciclo = ciclo em dias; P1000S = peso de mil sementes (g); Prod = produtividade de sementes (kg ha⁻¹); Comps = comprimento de siliquas (cm); Diams = diâmetro de siliquas (mm); NSS = número de sementes de siliquas; %Óleo = porcentagem de óleo (%); %Prot = porcentagem de proteínas (%) e MSR = massa seca de raiz (g).

O coeficiente de herdabilidade expressa a proporção da variância que é atribuída às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes

do ambiente (Falconer, 1987). As estimativas do coeficiente de herdabilidade foram consideradas de baixa a alta magnitude, conforme a classificação

de Resende e Duarte (2007). Os valores variaram de 17,92 a 98,9% para os caracteres Prod e NDIF, respectivamente (Tabela 5). Valores baixos desse coeficiente indicam que os caracteres foram muito influenciados pelos efeitos de ambientes, situação observada para produtividade, por exemplo, tornando a seleção para esse caractere menos eficiente com base apenas no fenótipo. Para melhorar a seleção de Prod, estratégias como a avaliação em múltiplos ambientes e o uso de métodos que controlam os efeitos ambientais podem ser utilizadas. De modo geral, os demais caracteres apresentaram estimativas de herdabilidade de moderada a alta, sugerindo possibilidade de ganhos com a seleção.

Vale ressaltar que a obtenção dessas estimativas é influenciada pelo ambiente em que são conduzidas. Aktar et al. (2019) estimaram parâmetros genéticos dos caracteres produtivos em 18 genótipos de canola. No estudo, altos valores de herdabilidade foram observados para características como número de ramos por planta (81,26%), número de siliquas por planta (92,96%), número de sementes por vagem (94,63%) e produtividade por planta (98,64%), sugerindo que essas características podem ser efetivamente melhoradas por meio da seleção. Quando a herdabilidade é alta, isso significa que a expressão fenotípica dessas características se deve, em grande parte, a diferenças genéticas entre os genótipos, permitindo que os melhoristas prevejam o desempenho da progênie com base nas características dos pais.

O teor de óleo é uma característica de grande interesse para a cultura da canola, sendo importante destacar que seu coeficiente de herdabilidade foi de alta magnitude (92,11), ou seja, a seleção pode ser aplicada com maior segurança para ganhos genéticos. Muhammad Ali et al. (2016) estudaram os padrões de herança do teor de óleo e outros atributos da qualidade de sementes de canola. O estudo confirmou que as variâncias genéticas aditivas e não aditivas influenciam significativamente as características de teor de óleo, teor de proteína, conteúdo de glucosinolato e ácido erúico. A alta herdabilidade no sentido amplo (0,70 – 0,96) e a baixa herdabilidade no sentido restrito (0,05 – 0,68) foram estimadas, indicando um baixo papel da ação aditiva do gene. Isso sugere que a seleção dessas características deve ocorrer em gerações segregantes posteriores para melhorar sua expressão.

Análise de ganhos genéticos via índice de seleção de Mulamba e Mock em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F_5 do programa de melhoramento genético

Os ganhos genéticos percentuais preditos para o índice de seleção Mulamba e Mock (1978) permitiram resultados positivos para a maioria dos caracteres, exceto diâmetro de siliquas e teor de proteína (Tabela 6). Os índices de seleção são ferramentas essenciais no melhoramento genético da canola, pois permitem a seleção simultânea de várias características de interesse, como produtividade e teor de óleo. É importante notar que o índice de Mulamba e Mock (1978) mostrou resultado positivo para ambas as características. Apesar da baixa herdabilidade para produtividade, o ganho de seleção foi razoável, o que pode ser devido ao efeito de variabilidade genética residual ou à aplicação de um índice que favoreceu o aumento de produtividade. Esse resultado é interessante, uma vez que na canola há a necessidade de otimizar características de produção e qualidade do óleo, importantes para a indústria alimentícia e de biocombustíveis.

As linhagens 5, 7 e 8 ocuparam as primeiras posições no ranking (Tabela 7), sugerindo que elas são promissoras para avançarem no programa de melhoramento de canola. Os caracteres número de dias para florescimento, produtividade e número de sementes por siliquas apresentaram os maiores ganhos percentuais. Isso sugere que o índice de Mulamba e Mock (1978) foi eficiente na seleção de caracteres de interesse para a cultura da canola. O ganho genético em programas de melhoramento de plantas pode ser estimado por vários métodos e/ou a combinação deles. Isso posto, Cowling et al. (2023) compararam dois métodos de estimativa de taxas de ganho genético para produtividade de grãos e outras características, em um programa de melhoramento de canola de primavera em evolução ativa com base em modelos mistos multiplicativos com análise fatorial. Singh et al. (2022) também reportaram diferentes abordagens implantadas para acelerar o processo de melhoramento e suas implicações na melhoria de culturas de sementes oleaginosas do gênero *Brassica*.

Tabela 6. Predição de ganhos genéticos via índice de seleção⁽¹⁾ de Mulamba e Mock para caracteres avaliados em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Variável ⁽²⁾	Xo	Xs	h ² %	GS	GS%
ALT	1,20885	1,25639	87,75957	0,04172	3,45
NDIF	31,55128	33,83333	98,90365	2,25703	7,15
Ciclo	99,97436	100,77778	75,69961	0,60818	0,61
P1000S	3,97949	4,04722	24,98923	0,01693	0,43
Prod	1275,4231	1718,1944	17,91963	79,343	6,22
Comps	3,85051	4,05611	71,19702	0,14638	3,8
Diams	2,72538	2,70361	66,57322	-0,0145	-0,53
NSS	12,60256	14,61111	68,36125	1,37307	10,9
%Oleo	29,9891	31,13194	92,1108	1,05268	3,51
%Prot	32,38231	32,11528	84,48384	-0,2256	-0,7
MSR	4,01346	4,13806	63,97258	0,07971	1,99
Ganho total				84,6786	36,83

⁽¹⁾ Xo: média da população inicial; Xs: média dos indivíduos selecionados; h²%: herdabilidade em %; GS: ganho genético por seleção e GS%: ganho genético por seleção em %.

⁽²⁾ ALT = altura de plantas (m); NDIF = número de dias para início do florescimento (dias); Ciclo = ciclo em dias; P1000S = peso de mil sementes (g); Prod = produtividade de sementes (kg ha⁻¹); Comps = comprimento de siliquas (cm); Diams = diâmetro de siliquas (mm); NSS = número de sementes de siliquas; %Oleo = porcentagem de óleo (%); %Prot = porcentagem de proteínas (%), MSR = massa seca de raiz (g).

Tabela 7. Ranking das dez melhores linhagens de canola com base no índice de seleção de Mulamba e Mock para o conjunto de caracteres avaliados⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Linhagem	ALT	NDIF	Ciclo	P1000S	Prod	Comps
T-25	1,35	28	91	4,13	2.546,00	4,80
7	1,27	27	91	4,37	1.202,33	4,62
5	1,14	21	94	4,50	2.479,67	3,20
8	1,21	42	115	4,13	2.138,67	4,18
T-26	1,54	43	101	4,40	1.220,00	4,46
2	1,03	21	87	3,70	1.805,00	4,00
12	1,27	35	104	3,90	1.688,00	4,40
11	1,36	42	112	3,83	2.359,33	3,54
3	1,14	21	94	3,90	1.790,67	3,34
13	1,21	42	101	4,23	1.142,67	3,59
18	1,31	40	104	3,57	1.107,33	3,85
14	1,23	44	115	3,90	1.138,67	4,70

Linhagem	Diams	NSS	%Oleo	%Prot	MSR	Ranking
T-25	2,92	17	29,37	30,19	4,10	Testemunha
7	2,80	19	29,44	32,87	5,01	1º
5	2,98	9	27,06	34,29	3,89	2º
8	2,99	13	33,11	32,24	3,23	3º

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Linhagem	Diams	NSS	%Oleo	%Prot	MSR	Ranking
T-26	2,89	19	30,28	29,28	5,78	Testemunha
2	2,45	16	30,43	31,92	1,41	4°
12	2,56	15	34,01	31,92	2,86	5°
11	2,71	12	32,32	33,52	3,61	6°
3	2,92	13	24,83	33,49	3,99	7°
13	2,32	12	32,90	32,65	6,47	8°
18	2,40	15	36,34	31,60	4,49	9°
14	2,50	17	33,50	31,43	4,82	10°

(¹)ALT = altura de plantas (m); NDIF = número de dias para início do florescimento (dias); Ciclo = ciclo em dias; P1000S = peso de mil sementes (g); Prod = produtividade de sementes (kg ha⁻¹); Comps = comprimento de síliquas (cm); Diams = diâmetro de síliquas (mm); NSS = número de sementes de síliquas; %Oleo = porcentagem de óleo (%); %Prot = porcentagem de proteínas (%) e MSR = massa seca de raiz (g).

Análise de correlações genéticas em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅ do programa de melhoramento genético

Na Tabela 8, são apresentadas as estimativas de correlações genotípicas entre os 11 caracteres avaliados em linhagens de canola.

Os resultados obtidos por meio da análise de correlações genéticas, com o método bootstrap, demonstram associações significativas entre caracteres morfológicos e produtivos nas linhagens. Os valores de correlação observados indicam relações importantes entre os caracteres, fornecendo informações relevantes para a seleção e o melhoramento genético da cultura, evidenciando tanto associações positivas quanto negativas entre diferentes caracteres. Para a discussão, foram consideradas apenas as correlações significativas, positivas ou negativas e com valores iguais ou superiores a 0,5000.

A correlação positiva e significativa entre altura e início do florescimento (0,7512⁺⁺) indica que, conforme a altura da planta aumenta, o número de dias para o início do florescimento também tende a aumentar, ou seja, linhagens de canola mais altas podem levar mais tempo para começar a florescer em comparação com linhagens mais baixas. Plantas mais altas podem dar maior prioridade no crescimento vegetativo, o que pode retardar o início do florescimento. Isso ocorre porque o crescimento vegetativo, como o alongamento do caule e a formação de folhas, pode consumir mais recursos, como energia e nutrientes, retardando a transição para a fase reprodutiva. A relação entre altura e florescimento também pode ser influenciada por fatores ambientais, como disponibilidade de luz, nutrientes e temperatura, além de aspectos genéticos que regulam

o ciclo de crescimento e o florescimento das plantas. Esse resultado pode ser útil para programas de melhoramento genético de canola, pois pode indicar que plantas com maior altura, embora possam ter uma produção de biomassa mais elevada, também podem exigir um período mais longo até o florescimento. Isso pode ser um ponto a ser considerado pelos produtores, especialmente na região Centro-Oeste do Brasil onde o tempo/ciclo de cultivo é uma variável importante para o planejamento das safras.

Tabela 8. Estimativas de correlações genéticas entre pares de caracteres avaliados em linhagens de canola parcialmente endogâmicas F₅. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2024.

Caractere	RGE	Caractere	RGE
ALT x NDIF	0,7512 ⁺⁺	P1000S x Comps	-0,5054
ALT x Ciclo	0,6708 ⁺⁺	P1000S x Diams	0,756 ⁺
ALT x P1000S	-0,0597	P1000S x NSS	-0,1388
ALT x Prod	-0,3783	P1000S x %Oleo	-0,9124 ⁺⁺
ALT x Comps	0,075	P1000S x %Prot	0,4787
ALT x Diams	-0,1301	P1000S x MSR	0,0166
ALT x NSS	0,1901	Prod x Comps	0,491
ALT x %Oleo	0,5357 ⁺⁺	Prod x Diams	0,6378
ALT x %Prot	-0,3822 ⁺	Prod x NSS	0,797 ⁺
ALT x MSR	1,0093 ⁺⁺	Prod x %Oleo	-0,4597
NDIF x Ciclo	0,9704 ⁺⁺	Prod x %Prot	0,6124

Continua...

Tabela 8. Continuação.

Caractere	RGE	Caractere	RGE
NDIF x P1000S	-0,0792	Prod x MSR	-0.6291
NDIF x Prod	-0,2858	Comps x Diams	-0,4461
NDIF x Comps	0,2346	Comps x NSEMS	0,7726 ⁺⁺
NDIF x Diams	-0,4455 ⁺	Comps x %Oleo	0,4037 ⁺
NDIF x NSS	0,1675	Comps x %Prot	-0,7063 ⁺⁺
NDIF x %Oleo	0,8131 ⁺⁺	Comps x MSR	-0,1844
NDIF x %Prot	-0,2958	Diams x NSS	-0,3546
NDIF x MSR	0,6629 ⁺⁺	Diams x %Oleo	-0,8102 ⁺⁺
Ciclo x P1000S	-0,6483	Diams x %Prot	0,165
Ciclo x Prod	-0,4831	Diams x MSR	-0,2604
Ciclo x Comps	0,1782	NSS x %Oleo	0,2686
Ciclo x Diams	-0,4705	NSS x %Prot	-0,5009 ⁺
Ciclo x NSS	0,0217	NSS x MSR	0,0397
Ciclo x %Oleo	0,7855 ⁺⁺	%Oleo x %Prot	-0,3936 ⁺
Ciclo x %Prot	-0,1388	%Oleo x MSR	0,4604 ⁺
Ciclo x MSR	0,3735	%Prot x MSR	-0,1826
P1000S x Prod	-1,0377 ⁺⁺	-	-

++ + : Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5.000 simulações.

RGE: correlação genética.

Para os caracteres altura e ciclo, observou-se correlação positiva e significativa (0,6708⁺⁺). Esse resultado reforça a ideia de que plantas mais altas tendem a ter ciclos de crescimento mais longos. Isto pode estar relacionado ao fato de que plantas de maior porte, com sistema radicular mais desenvolvido, provavelmente precisam de mais tempo para alcançar o desenvolvimento vegetativo completo, o que impacta diretamente o ciclo de crescimento da cultura. Esse resultado pode ser útil na seleção de linhagens com ciclo mais curto para ambientes onde se busca maior número de colheitas por ano.

Foi observada correlação positiva e significativa entre a altura e o teor de óleo nas sementes

(0,5357⁺⁺), mas com uma magnitude menor em comparação às correlações anteriores. O resultado sugere que plantas mais altas podem ter maior teor de óleo nas sementes. Isso pode ser interessante para programas de melhoramento focados em aumentar o rendimento de óleo. Contudo, o efeito da altura sobre o teor de óleo não é muito forte, e fatores genéticos específicos para o conteúdo de óleo podem ser mais determinantes do que a altura em si.

Também foi observada correlação fortemente positiva e significativa entre altura e massa seca de raiz (1,0093⁺⁺). Esse resultado sugere que plantas mais altas possuem uma maior massa seca de raiz, o que pode indicar um sistema radicular mais desenvolvido e eficiente. Um sistema radicular mais robusto pode ser vantajoso em termos de maior capacidade de absorção de nutrientes e água, potencializando o crescimento da planta. Essa relação entre altura e massa seca de raiz pode ser explorada para identificar linhagens com maior potencial produtivo e maior eficiência em absorver água e nutrientes do solo, contribuindo para a melhor performance em ambientes de cultivo sob estresse hídrico.

As correlações observadas sugerem que a altura das plantas de canola está intimamente associada a várias características importantes para o melhoramento genético, como o início do florescimento, o ciclo de crescimento, o teor de óleo e a massa seca de raiz. Esses resultados são importantes para a seleção de linhagens com características desejáveis para diferentes sistemas de cultivo.

A forte correlação positiva e significativa entre início do florescimento e ciclo (0,9704⁺⁺) mostra que, quanto mais cedo as plantas florescem, mais curto é o ciclo total de cultivo. Essa relação é esperada, pois o início do florescimento é uma etapa crítica para definir o tempo até a maturação e a colheita, já que plantas que iniciam o florescimento mais cedo naturalmente têm ciclos mais curtos. Esse dado é relevante para ambientes com restrições de tempo de cultivo, como ocorre nos cultivos de safrinha realizados no Centro-Oeste brasileiro.

A correlação positiva e significativa entre início do florescimento e teor de óleo (0,8131⁺⁺) sugere que, quanto mais tarde ocorre o início do florescimento, maior tende a ser o percentual de óleo nas sementes. Plantas que florescem mais tarde podem ter um período de crescimento e maturação mais prolongado, permitindo mais tempo para o acúmulo de óleo nas sementes. Isso pode resultar em um maior percentual de óleo, já que a planta teve mais tempo para armazenar nutrientes durante o ciclo

reprodutivo. No entanto, essa relação deve ser investigada com mais profundidade para determinar os mecanismos fisiológicos que a sustentam.

Resultados semelhantes foram encontrados em trabalhos realizados por Fikere et al. (2020), em que foi encontrada correlação positiva entre dias para início do florescimento e teor de óleo, sugerindo que cultivares de floração tardia têm mais tempo para acumular óleo nas sementes.

Foi observada correlação positiva e significativa entre início do florescimento e massa seca de raiz ($0,6629^{**}$), sugerindo que, conforme o início do florescimento ocorre mais tarde, a massa seca de raiz tende a ser maior nas plantas de canola. O aumento da massa seca de raiz pode ser um reflexo de um maior investimento das plantas em suas raízes antes de entrar na fase reprodutiva. Isso pode ser uma estratégia adaptativa para melhorar a absorção de água e nutrientes, o que beneficia o crescimento geral da planta, incluindo a produção de sementes e o conteúdo de óleo. Raízes maiores e mais desenvolvidas podem aumentar a capacidade da planta de absorver nutrientes e água, o que pode ser especialmente benéfico em situações de estresse hídrico ou quando há competição por recursos no solo. Essas plantas podem ter maior resistência a condições de estresse, como a seca, e melhor desempenho em solos de baixa fertilidade.

A correlação positiva entre ciclo e teor de óleo ($0,7855^{**}$) indica que plantas com ciclos mais longos tendem a ter maior teor de óleo. Esse dado sugere que o desenvolvimento prolongado pode favorecer a acumulação de óleo nas sementes, o que pode ser uma característica desejável em ambientes de cultivo que favoreçam ciclos mais longos. Esse resultado pode estar relacionado a um tempo mais prolongado para a acumulação de reservas energéticas nas sementes. Contudo, em sistemas de cultivo que priorizam ciclos mais curtos, como o cultivo safrinha realizado no Cerrado brasileiro, essa relação pode ser um fator limitante.

Forte correlação negativa e significativa entre o peso de mil sementes e a produtividade ($-1,0377^{**}$) foi observada e é particularmente relevante. Plantas com sementes mais pesadas parecem ter menor produtividade por hectare, o que pode indicar uma relação inversa entre a capacidade de produzir sementes grandes e o número total de sementes por planta. Esse resultado sugere que a seleção para um maior peso de sementes pode reduzir a produtividade, e vice-versa, o que revela um *trade-off* entre os dois caracteres. Esse resultado é particularmente importante para a definição de prioridades em programas de melhoramento. Embora sementes mais

pesadas possam ter vantagens em termos de vigor inicial e qualidade do grão, a produção de sementes maiores pode estar associada a menor número de sementes por planta, impactando negativamente a produtividade total. Esse *trade-off* deve ser cuidadosamente equilibrado, dependendo do objetivo do melhoramento, seja para maior rendimento ou maior qualidade de sementes. Resultados semelhantes foram encontrados em trabalhos realizados por Shafieian et al. (2024), em que foi observada correlação negativa e significativa ($-0,7$) entre os caracteres peso de mil sementes e produtividade, corroborando com os resultados obtidos no presente trabalho.

A correlação positiva entre peso de mil sementes e diâmetro de siliquas ($0,756^{+}$) mostra que siliquas com maior diâmetro tendem a gerar sementes mais pesadas. Esse resultado pode ser útil para selecionar linhagens com maior potencial de sementes grandes e, consequentemente, maior diâmetro por siliqua.

Para os caracteres peso de mil sementes e teor de óleo ($-0,9124^{**}$), foi observada correlação fortemente negativa e significativa, sugerindo que sementes maiores tendem a ter menor conteúdo de óleo. Isso significa que, à medida que o peso das sementes aumenta, o percentual de óleo tende a diminuir. Isso pode ocorrer porque, à medida que a planta direciona mais recursos para o aumento da biomassa das sementes, como carboidratos e proteínas, menos recursos (como carbonos e lipídios) são alocados para o acúmulo de óleo. Assim, sementes maiores podem ter uma composição mais rica em outros componentes, como proteínas e carboidratos, em detrimento do óleo. Esse resultado é relevante para programas de melhoramento genético focado em aumentar o teor de óleo nas sementes e pode influenciar as decisões sobre os caracteres desejáveis em cultivares de canola, dependendo dos objetivos de produção.

Entre a produtividade e o número de sementes por siliquas ($0,797^{+}$), foi observada correlação positiva e significativa, sugerindo que plantas com maior número de sementes por siliquas tendem a produzir mais sementes em geral. Esse resultado é altamente relevante para programas de melhoramento genético voltados para aumentar a produtividade de sementes em canola. Linhagens com um maior número de sementes por siliquas podem ser preferidas, pois elas tendem a aumentar a produtividade total. Assim, essa característica pode ser um alvo desejável em programas de melhoramento, visando à obtenção de cultivares com maior potencial de produção.

Também foi observada correlação positiva e significativa entre o comprimento das siliquas e o número de sementes por síliqua ($0,7726^{**}$), indicando que siliquas mais longas tendem a ter mais sementes. Esse resultado pode ser usado na seleção de linhagens que aumentem o número de sementes por planta, melhorando a produtividade total.

Foi encontrada correlação negativa e significativa entre o comprimento de siliquas e o percentual de proteína ($-0,7063^{**}$), sugerindo que, em linhagens de canola, as plantas que produzem siliquas mais longas têm uma tendência a apresentar um teor de proteína menor nas sementes. Essa correlação negativa observada pode ser relevante para programas de melhoramento genético que buscam otimizar o teor de proteína nas sementes. Se o objetivo for aumentar o conteúdo de proteína, pode ser interessante selecionar linhagens com siliquas mais curtas e um teor de proteína mais elevado. Isso poderia ser uma estratégia para melhorar o valor nutritivo das sementes, especialmente para usos em rações animais e outras aplicações que requerem alto teor proteico.

A correlação negativa e significativa entre o diâmetro de siliquas e o teor de óleo ($-0,8102^{**}$) sugere que quanto maior o diâmetro das siliquas, menor tende a ser o percentual de óleo nas sementes. O aumento no diâmetro das siliquas pode estar associado a um maior acúmulo de biomassa nas sementes, mas com uma menor alocação de recursos para a produção de óleo. Em outras palavras, plantas com siliquas mais largas podem estar investindo mais em componentes como carboidratos e proteínas, e menos em lipídios. Isso pode explicar a relação inversa observada entre diâmetro de siliquas e teor de óleo. Essa correlação negativa observada pode ser relevante para programas de melhoramento genético de canola que buscam aumentar o teor de óleo nas sementes. Linhagens com siliquas mais estreitas podem ser favorecidas em programas voltados para o aumento do teor de óleo, pois tendem a ter sementes com maior concentração de lipídios. Isso poderia ser uma estratégia importante para aumentar o valor comercial da canola para usos que priorizam o conteúdo de óleo, como na produção de óleo comestível e biodiesel.

Para os caracteres número de sementes por síliqua e teor de proteína, foi observada correlação negativa ($-0,5009$), indicando que linhagens com maior número de sementes por síliqua tendem a apresentar menor concentração de proteína. Essa correlação negativa observada é importante para programas de melhoramento genético de canola que visam aumentar o teor de proteína nas sementes.

Caso o objetivo seja melhorar o conteúdo proteico, pode ser interessante selecionar linhagens com menos sementes por síliqua, pois elas tendem a ter sementes com maior concentração de proteína. Esse equilíbrio pode ser relevante para cultivares voltadas para uso em rações animais ou outros mercados que valorizam altos níveis de proteína.

Os resultados de correlações apresentados indicam que os caracteres morfológicos e produtivos das linhagens de canola estão fortemente inter-relacionados. A existência de correlações negativas, como entre peso de sementes e produtividade, sugere a necessidade de uma seleção balanceada que leve em consideração os objetivos específicos do programa de melhoramento. Esse conjunto de correlações pode ajudar na definição de estratégias de seleção para linhagens que maximizem tanto a produtividade quanto a qualidade do grão.

Conclusões

1) Houve divergência entre pares de linhagens estudadas, indicando a presença de grande variabilidade genética, com a formação de grupos de dissimilaridade, sendo possível indicar linhagens pertencente aos grupos 1 e 2 para esquemas de blocos de cruzamentos, visto que elas são complementares quanto aos caracteres.

2) Os caracteres número de dias para florescimento, produtividade e número de sementes por siliquas apresentaram os maiores ganhos genéticos.

3) Todos os caracteres avaliados estão fortemente inter-relacionados, podendo auxiliar na definição de estratégias de seleção em programas de melhoramento.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) – Projeto 405966/2022-9 e ao Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa – Projeto Procanola), pelo apoio financeiro.

Referências

- AHAD, F.; RAZIUDDIN; AHMAD, N.; NAUMAN, M.; IQBAL, T.; KHAN, N.; HAMEED, F.; HUSSAIN, Q. Genetic analysis for yield traits using F_3 populations in rapeseed (*Brassica napus* L.). **Pakistan Journal of Agricultural Research**, v. 33, n. 2, p. 253-263, Apr. 2020.
- AHMAD, J.; BABER, M.; NAZEER, W.; HAMDULLAH, S.; SOMROO, A. A. Estimation of genetic diversity

among canola accessions using simple sequence repeat markers. **Journal of Bioresource Management**, v. 8, n. 4, p. 86-94, Oct. 2021.

AKTAR, T.; NURUZZAMAN, M.; RANA, M. S.; HUDA, M. M.; HOSSAIN, M. A.; HASSAN, L. Genetic parameters and diversity studies of yield and yield contributing characters in Brassica genotypes. **Journal of Bangladesh Agricultural University**, v. 17, n. 3, p. 295-300, Sep. 2019.

ARAÚJO, L. N. de; ROSADO, T. B.; RODRIGUES, E. V.; SANTOS, A. dos; LAVIOLA, B. G. Tropicalization of canola (*Brassica napus* L.): commercial hybrids show potential for cultivation in the Brazilian Cerrado. **Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias**, v. 53, n. 2, p. 20-26, 2021.

CANOLA COUNCIL OF CANADA. **Canola encyclopedia**: history of canola seed development. 2024. Disponível em: <https://www.canolacouncil.org/canola-encyclopedia/history-of-canola-seed-development/#overview-of-canola-seed>. Acesso em: 23 out. 2024.

CANOLAINFO. **Canola oil**: good for every body! 2024. Disponível em: <https://cdn1.canolainfo.org/media/files/downloads/pdfs/canolaoilgoodforeverybody.pdf>. Acesso em: 29 out. 2024.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**: Safra 2023/24, v. 11, n. 10, 2024.

COWLING, W. A.; CASTRO-URREA, F. A.; STEFANOVA, K. T.; LI, L.; BANKS, R. G.; SARADADEVI, R.; SASS, O.; KINGHORN, B. P.; SIDDIQUE, K. H. M. Optimal contribution selection improves the rate of genetic gain in grain yield and yield stability in spring canola in Australia and Canada. **Plants**, v. 12, n. 2, p. 383, jan. 2023.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum: Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, Jul.-Sep. 2013.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Viçosa: Suprema, 2011. p. 2-28.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2014. 668 p.

EMBRAPA CERRADOS. **Laboratório de biofísica ambiental**: serviços climáticos. Disponível em: <http://clima.cpac.embrapa.br/clima/dados-climaticos/#>. Acesso em: 29 out. 2024.

ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Oilseeds**: World Markets and Trade. [Washington, DC], 2023.

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

FIKERE, M.; BARBULESCU, D. M.; MALMBERG, M. M.; MAHARJAN, P.; SALISBURY, P. A.; KANT, S.; PANOZZO, J.; NORTON, S.; SPANGENBERG, G. C.; CONGAN, N. O. I.; DAETWYLER, H. D. Genomic prediction and genetic correlation of agronomic, blackleg disease, and seed quality traits in canola (*Brassica napus* L.). **Plants**, v. 9, n. 6, p. 719, jun. 2020.

FINCO, A.; BENTIVOGLIO, D.; NIJKAMP, P. Integrated evaluation of biofuel production options in agriculture: an exploration of sustainable policy scenarios. **International Journal of Foresight and Innovation Policy**, v. 8, n. 2/3, p. 173-188, Mar. 2012.

GRIGOLO, S.; FIOREZE, A. C. da C. L.; PIVA, C. A. G. Behavior of canola hybrids and their F2 generations: physiological and sanitary seed quality. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 16, n. 1, p. 11-17, Mar. 2017.

HOUMANAT, K. Genetic relationship and diversity among some Moroccan and introduced rapeseed (*Brassica napus* L.) varieties as revealed by molecular markers. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, v. 30, n. 18, Aug. 2023.

ILYAS, M.; SHABBIR, G.; RABBANI, M. A.; MALIK, S. I.; NASIR, C.; ANSAR, M.; JAN, S. A. Genetic divergence in *Brassica napus* L. germplasm as determined by quantitative attributes. **Pakistan Journal of Botany**, v. 50, n. 3, p. 1039-1045, Jan. 2018.

LAGHARI, S. R.; ABRO, T. F.; BALOCH, A. W.; SOOMRO, Z. A.; GANDAH, N.; SOOMRO, A. A.; CHATTAH, S. H.; SOOMRO, T. A.; NARGIS, M.; SOOMRO, M. M.; MEMON, M. D. Comparative assessment of genetic diversity between *Brassica napus* and *Brassica juncea* based on phenotypic traits. **Journal of Breeding and Genetics**, v. 55, n. 4, p. 1155-1169, Aug. 2023.

LAVIOLA, B. G.; RODRIGUES, E. V.; SANTOS, A. dos; TEODORO, L. P. R.; PEIXOTO, L. A.; TEODORO, P. E.; BHERING, L. L. Breeding strategies to consolidate canola among the main crops for biofuels. **Euphytica**, v. 218, n. 1, Dec. 2022.

MUHAMMAD ALI, R.; KHALIL, I. H.; KHALIL, I. A.; ANWAR-UL-HAQ; KHAN, R.; GHULAMULLAH; REHMAN, M. U.; KHAN, S. Genetics of seed quality attributes in *Brassica napus* L. **Pure and Applied Biology**, v. 5, n. 4, p. 1232-1244, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.19045/bspab.2016.50148>.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-51, 1978.

PARVIN, E.; MAHMUD, F.; HAQUE, M. M. Heritability, genetic advance, correlation and path coefficient analysis in advanced generation of *Brassica napus*

L. American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences, v. 20, n. 2, p. 116-123, Oct. 2020.

PAULA, E. M.; BRODERICK, G. A.; FACIOLA, A. P. Effects of replacing soybean meal with canola meal for lactating dairy cows fed 3 different ratios of alfalfa to corn silage. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 2, p. 1463-1471, Feb. 2020.