

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Bases genéticas de caracteres quantitativos em diferentes
populações de aveia (*Avena sativa* L.)**

Igor Pirez Valério

Pelotas 2006

Igor Pirez Valério
Engenheiro Agrônomo (UFPel)

**Bases genéticas de caracteres quantitativos em diferentes
populações de aveia (*Avena sativa* L.)**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Fernando Irajá Félix de Carvalho, PhD. – FAEM/UFPel

Co-orientadores: Antônio Costa de Oliveira, PhD. – FAEM/UFPel

Giovani Benin, Doutor – UTFPR – Pato Branco

Pelotas, 2006

Banca Examinadora:

Prof. PhD. Fernando Irajá Félix de Carvalho - FAEM/UFPeI (presidente)

Prof. Dr. Rosa Lia Barbieri - Embrapa Clima Temperado

Prof. Dr. José Antônio Gonzalez da Silva - FAEM/UFPeI

Pesquisador Dr. Paulo Fagundes - Embrapa Clima Temperado

A **Deus**, por ter me iluminado durante toda esta jornada.

A minha mãe **Célia Regina Magalhães Pires**, por ter dedicado toda sua vida em esforços para o melhor de minha formação, com grande carinho e compreensão.

A meu pai **Roberto dos Santos Valério**, pelo carinho especial dedicado durante toda a minha criação.

A minha querida irmã **Paloma Pirez Valério**, por todo carinho, amizade e participação durante os momentos mais difíceis.

Dedico

Agradecimentos

Ao Professor Fernando Irajá Felix de Carvalho, por ter me dado uma oportunidade impar de crescer como pessoa e como profissional que sou hoje, com seus ensinamentos científicos e exemplo profissional, além de sua grande amizade e por creditar a mim toda a sua confiança.

Aos co-orientadores Professor Antônio Costa de Oliveira e Giovani Benin, que com grande amizade, sempre tiveram participação importante no meu aprendizado, desde que comecei como bolsista de iniciação científica, junto ao setor de Fitomelhoramento.

Aos professores do Fitomelhoramento Rosa Lia Barbieri, Caroline Marques Castro e José Antonio Gonzáles da Silva, pela amizade e conhecimentos transmitidos que muito contribuíram para minha formação.

Aos amigos e ex-colegas do Fitomelhoramento Giovani Olegário, Eduardo Alano Vieira, Claudir Lorencetti e Volmir Sergio Marchioro, por terem contribuído de alguma forma, na minha formação e realização deste trabalho.

As instituições de pesquisa representadas pela CAPES, CNPq e FAPERGS, pela viabilização financeira para implementação deste projeto.

Aos colegas e amigos Douglas A. M. Schmidt e Ivandro Bertan pela amizade e conhecimentos compartilhados.

Aos grandes amigos e colegas de sala Irineu Hartwig, Velci Queiroz de Souza e Luciano da Maia, pelo grande companheirismo, dedicação e colaboração prestadas.

Aos demais colegas estagiários, bolsistas de iniciação científica, mestrandos e doutorandos do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pela amizade e valiosa contribuição nos trabalhos.

Aos funcionários do setor, e secretárias do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pelo auxílio sempre presente, além da amizade.

À Universidade Federal de Pelotas, principalmente a querida Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, pela oportunidade de realização do curso.

Ao meu time de coração “Sport Club Internacional”, por todos os momentos felizes proporcionados, em especial a conquista da “Libertadores da América”, a qual tive a felicidade de estar presente.

Por fim, agradeço a todos aqueles que de alguma maneira contribuíram para que eu pudesse concretizar mais esta conquista.

Resumo

VALÉRIO, IGOR PIREZ. **Bases genéticas de caracteres quantitativos em diferentes populações de aveia (*Avena sativa* L.)**. 2006. 79f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

Nos trabalhos realizados com a cultura da aveia, diversos mecanismos têm sido propostos com o objetivo de maximizar os ganhos obtidos em diferentes caracteres métricos (quantitativos), principalmente em gerações segregantes, onde se espera maior ocorrência de interações gênicas. Por outro lado, grande valor tem sido dado na escolha ajustada ao ambiente das constituições genéticas que farão parte do estudo, potencializando, desta forma, combinações com maior ajuste as condições de avaliação. A pesquisa teve como objetivo geral determinar os parâmetros genéticos de caracteres quantitativos em aveia, com devida escolha de genitores e constituições genéticas com elevado potencial produtivo, que apresentem previsibilidade de comportamento. Foram realizados dois trabalhos: o primeiro testou a estabilidade de diferentes populações de aveia com base nas estimativas da capacidade geral e específica de combinação envolvendo cinco genitores. Os resultados indicaram o grande potencial dos genótipos avaliados para uso do melhorista, com o objetivo de inferir sobre o efeito de capacidade geral de combinação, com grande previsibilidade de desempenho. Contudo, na identificação das melhores constituições genéticas com base na estabilidade do efeito de capacidade específica de combinação, o uso de avaliações em diferentes gerações e anos de cultivo foi determinante. Além disto, cruzamentos específicos entre genótipos de aveia podem ser eficientes em caracteres relacionados à produção de grãos, via seleção indireta para o caráter, com base nos parâmetros estatísticos considerados, conforme verificado para UPF 16 / UPF 18, UPF 16 / UFRGS 17 e UPF 16 / UFRGS 7, para número de panículas por planta, peso de panícula e número de grãos por panícula, respectivamente. O segundo tratou de estimar os parâmetros genéticos envolvidos no caráter rendimento de grãos e seus componentes, por meio da análise de diferentes gerações, fornecendo ferramentas para a seleção de constituições genéticas com elevado potencial produtivo logo nas primeiras gerações de autofecundação. Pode ser verificada a presença de interações epistáticas significativas para o caráter produção de grãos por planta, sendo estas determinantes no conhecimento dos efeitos gênicos envolvidos em cada cruzamento. Por outro lado, os dados evidenciam que cruzamentos específicos entre genótipos de aveia, podem proporcionar ganhos elevados na seleção em gerações iniciais, conforme verificado para produção de grãos por planta, com UPF 16 / UPF 18 e UPF 18 / UFRGS 7, por apresentar apenas a interação “aditividade x

aditividade” como o efeito epistático significativo, podendo alcançar maiores ganhos na seleção. Além disto, os caracteres número de panículas por planta e peso de panícula evidenciaram menor complexidade nos efeitos gênicos estimados, sendo, portanto, de maior efetividade na seleção. Neste sentido, o cruzamento UPF 18 / UFRGS 17 revela o maior destaque, em virtude do efeito “dominância” não ser significativo, mesmo que o cruzamento apresente a maior participação da variância de dominância na variância genética do caráter. Já em relação ao caráter peso de panícula, pode ser destacado o cruzamento de UPF 18 / UFRGS 7, pela maior participação do efeito aditivo do que o efeito de dominância no controle genético do caráter.

Palavras-chave: Ação gênica, melhoramento genético, análise dialélica, herdabilidade.

Abstract

VALÉRIO, IGOR PIREZ. **Genetic basis of quantitative traits in different oat (*Avena sativa* L.) populations.** 2006. 79f. Dissertation (Master of Science) – Graduate Program in Agronomy. Federal University of Pelotas, Pelotas.

In the investigations performed with the oat crop, many mechanisms have been proposed with the goal of maximizing the genetic gains in different quantitative traits, especially on segregating populations, where a greater level of genetic interaction is expected. On the other hand, great value has been attributed to the right choice of environmentally adapted genotypes, increasing the potential of making the best selections. The research had, as a general goal, to determine the genetic parameters of quantitative traits in oats, with the choice of parents and genotypes with high yield potential and predictable behavior. Two experiments were carried on: the first consisted on a stability test of different oat populations based on the general and specific combining ability estimates from five genotypes. The results indicate the great potential of the evaluated genotypes for the breeder's use aiming to infer about general combining ability, showing high predictability in their performances. However, on identifying the best genotypes by specific combining ability effects, evaluations in different generations and years was essential for obtaining more precise results. Nevertheless, specific crosses between oat genotypes can be efficient for traits related to grain yield, via indirect selection for the trait. Based on the statistical parameters evaluated, as observed for UPF 16 / UPF 18, UPF 16 / UFRGS 17 and UPF 16 / UFRGS 7, for number of panicles per plant, panicle weight and number of grains per plant, respectively. The second experiment aimed to estimate the genetic parameters involved in the trait grain yield and its components, through the analysis of different generations, supplying tools for the selection of high yield potential genotypes at early selfing generations. Significant epistatic interaction can be observed for the trait grain yield per plant and those are essential for the understanding of the genic effects involved in each cross. On the other hand, the results suggest that specific crosses between oat genotypes can result in large gains for the selection at early generations, as seen for grain yield per plant for UPF 16 / UPF 18 and UPF 18 / UFRGS 7. These crosses presented only the interaction 'additive x additive' as a significant epistatic effect, being able to produce larger genetic gains. Additionally, the traits number of panicles per plant and panicle weight showing lower complexity on the estimated genic effects, being their selection more effective. Thus, the cross UPF 18 / UFRGS 17, calls for attention, since the 'dominance' effect is non significant, even if the cross presents a larger participation of dominance variance in the genetic variance of the trait. Regarding the trait panicle weight, the cross UPF 18 / UFRGS 7 can be highlighted, because it shows a higher

participation of the additive comparing to the dominance effect on the genetic control of the trait.

Key words: Genic action, breeding genotypes, diallel analysis and heritability.

Lista de tabelas

	Pág.
CAPITULO 1. Previsibilidade da capacidade de combinação em diferentes populações de aveia	17
Tabela 1. Quadrados médios da análise de variância dialélica pelo modelo de análise dialélica conjunta, para quatro caracteres de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.	41
Tabela 2. Análise de médias para quatro caracteres de aveia, em 15 tratamentos nos três ambientes de avaliação ($E_1 = F_1-2002$; $E_2 = F_1-2003$ e $E_3 = F_2-2003$). CGF/FAEM-UFPel, Pelotas, 2006.	42
Tabela 3. Capacidade geral de combinação (g_i) e índice de estabilidade ($\hat{\sigma}_{d(CGC)}^2$) de cinco genitores de aveia, em quatro caracteres, para os três ambientes avaliados. CGF/FAEM-UFPel, Pelotas, 2006.	43
Tabela 4. Capacidade específica de combinação (s_{ij} e S_{ij}) e índice de estabilidade ($\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$) de 15 tratamentos, nos três ambientes de avaliação, CGF/FAEM-UFPel, Pelotas, 2006.	44
Tabela 5. Coeficientes de correlação de <i>Spearman</i> (r) entre os ambientes avaliados ($E_1 = F_1 - 2002$, $E_2 = F_1 - 2003$ e $E_3 = F_2 - 2003$) para os parâmetros de desempenho (média das populações e genitores), capacidade geral e capacidade específica de combinação (CGC e CEC) de quatro caracteres de aveia, CGF/FAEM-UFPel, Pelotas, 2006.	45
CAPITULO 2. Parâmetros genéticos relacionados à herança do rendimento de grãos e seus componentes em aveia (<i>Avena sativa</i> L.)	46
Tabela 1. Médias e variâncias das gerações P_1 , RC_1F_1 , F_1 , F_2 , RC_2F_1 e P_2 para três caracteres, em cinco cruzamentos de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.	70

- Tabela 2.** Estimativas da heterose (H) e perda de vigor (PV) para três caracteres, avaliados em cinco cruzamentos em aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006. 71
- Tabela 3.** Estimativas das variâncias fenotípica (σ_p^2), genética (σ_G^2), ambiente (σ_E^2), aditiva (σ_A^2), dominância (σ_D^2) e de herdabilidade no sentido amplo (h^2a) e restrito (h^2r) para três caracteres, em cinco cruzamentos de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006. 72
- Tabela 4.** Estimativa dos parâmetros genéticos, para o modelo simples (aditivo-dominante) e para o modelo completo (aditivo-dominante-epistático), ajustado com base na média dos caracteres avaliados, em seis gerações de aveia (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1F_1 e RC_2F_2) obtidos em cinco cruzamentos de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006. 73
- Tabela 5.** Contribuição relativa dos parâmetros (“m”, “a”, “d”, “aa”, “ad” e “dd”), para o modelo simples e completo, baseado na média dos caracteres avaliados, em seis gerações de aveia (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1F_1 e RC_2F_2) obtidos em cinco cruzamentos de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006. 74

Sumário

Agradecimentos	4
Resumo	6
Abstract	8
Lista de tabelas	10
Sumário	12
1. Introdução geral	13
2. Previsibilidade da capacidade de combinação em diferentes populações de aveia... ..	17
Resumo	17
Abstract	18
Introdução	18
Material e Métodos	21
Resultados	25
Discussões	29
Referências bibliográficas	37
3. Parâmetros genéticos relacionados à herança do rendimento de grãos e seus componentes em aveia (<i>Avena sativa</i> L.)	46
Resumo	46
Abstract.....	47
Introdução	48
Material e métodos	50
Resultados	53
Discussões	57
Referencias bibliográficas	66
4. Considerações Finais	75
5. Referências bibliográficas Item 1	77
VITAE.....	79

1. Introdução geral

O melhoramento genético tem sido fundamental para o desenvolvimento da cultura da aveia no Sul do Brasil. Como consequência, o rendimento de grãos sofreu incrementos consideráveis, viabilizando o aproveitamento do grão, tanto na alimentação *in natura* como na indústria deste cereal. Entretanto, a manutenção deste progresso, segundo Caierão (2000), depende, necessariamente, de um programa de melhoramento dinâmico e eficiente, que seja capaz de ampliar a variabilidade, selecionar os melhores genótipos e ajustá-los a diferentes ambientes.

Neste sentido, é constante o desafio do melhorista de aveia em disponibilizar genótipos com elevado potencial de produtividade; por outro lado, a primeira carência no melhoramento está no conhecimento e identificação dos genitores que deverão ser utilizados em cruzamentos artificiais, pois, só assim, poderão ser empregados com maior precisão em diferentes métodos ou técnicas de seleção.

A escolha dos genitores a serem empregados em programas de hibridação e que possibilitem a formação de progênies superiores representa uma atividade que exige critérios e grande esforço dos melhoristas (Ramalho et

al., 1993). Portanto, o sucesso de qualquer programa de melhoramento depende, principalmente, dessa escolha a partir de informações a respeito da natureza e magnitude dos efeitos dos genes que controlam os caracteres quantitativos de interesse econômico (Patel et al., 1998).

A análise genética de metodologias de cruzamentos dialélicos fornece estimativas de parâmetros úteis para a seleção de genitores para hibridação e para o entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na expressão de diferentes caracteres (Cruz et al., 2004). Além disso, a análise dialélica tem sido usada com sucesso em trabalhos envolvendo genética quantitativa, auxiliando no melhor entendimento do tipo de ação gênica manifestada (Gardner e Eberhart, 1966). Por outro lado, a análise em ambientes específicos pode conduzir normalmente a escolhas deficitárias. Neste sentido, Pacheco et al. (1999) destacam a metodologia que permite inferências na adaptabilidade e estabilidade da capacidade geral e específica de combinação, provendo uma excelente alternativa para apresentar os resultados de análises dialélicas conduzidas em uma série de ambientes.

O uso da seleção para caracteres quantitativos, em gerações segregantes, têm como pressuposto a ação de vários fatores, como a variância genética não aditiva e a participação direta do ambiente na manifestação fenotípica (Falconer e Mackay, 1997, Carvalho et al., 2004); outra dificuldade deste mecanismo de seleção consiste na substituição de um grande número de alelos nos diferentes locos para determinar o progresso do caráter (Carvalho, 1982).

Dentro deste contexto, a grande complexidade do caráter rendimento de grãos têm dificultado muitas vezes a seleção direta para o caráter, o que

sugere a participação dos componentes do rendimento como um critério de seleção eficiente, conforme evidenciam trabalhos recentes com a cultura de aveia para número de grãos por panícula, peso de panícula e número de panículas por planta (Benin et al., 2005 e Lorencetti et al., 2006), os quais estabelecem a real associação de caracteres pelas correlações positivas e elevadas com rendimento de grãos.

Por outro lado, são necessárias técnicas que possam maximizar as informações referentes aos parâmetros genéticos dos caracteres métricos (poligênicos), os quais podem ser úteis ao melhorista, no melhor entendimento das bases herdáveis de caracteres quantitativos. Hill (1984) destacou que o primeiro trabalho detalhado de um modelo de herança poligênica foi desenvolvido em 1904, por Pearson, mas a demonstração definitiva, de que os caracteres quantitativos eram herdados de acordo com as leis de Mendel para os caracteres qualitativos foi fornecida por Nilsson-Ehle (1909) e por East (1910), citados por Cockerham (1956) e Strickberger (1985). Contudo, considerando a herança poligênica do padrão mendeliano clássico, é necessário o uso de estimativas de média e variância no estudo de populações.

A análise de gerações tem se destacado como uma técnica relevante para estimar os efeitos gênicos para caracteres poligênicos, possibilitando estimar a presença de efeitos gênicos epistáticos, como aditividade x aditividade, aditividade x dominância e dominância x dominância (Singh e Singh, 1992). Além disto, no estudo de caracteres quantitativos a herdabilidade tem elevada importância, porque representa o efeito cumulativo de todos os locos que afetam determinado caráter.

Com base nessas informações, se faz necessário à realização de estudos objetivando conhecer as bases genéticas de caracteres quantitativos em aveia branca, melhorando o entendimento na condução de populações segregantes, assim como estabelecer a estratégia mais eficiente de seleção para estes caracteres.

O objetivo geral do trabalho foi o de determinar os parâmetros genéticos de caracteres quantitativos em aveia, com a devida escolha de genitores que expressem elevado potencial produtivo e previsibilidade de comportamento às progênes formadas, potencializando, conseqüentemente, os ganhos com a seleção. O trabalho teve os seguintes objetivos específicos: (1) testar a estabilidade dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação de populações de aveia envolvendo cinco genitores e (2) determinar informações sobre os efeitos gênicos do rendimento de grãos e seus componentes, através de análise de diferentes gerações, com ênfase à seleção de constituições genéticas promissoras, em gerações iniciais.

2. Previsibilidade da capacidade de combinação em diferentes populações de aveia

Revista Bragantia (Submetido)

Resumo

O uso de índices de estabilidade em associação à análise dialélica pode representar uma forte ferramenta no que diz respeito à maior previsibilidade de seleção de caracteres quantitativos. Desta forma, o presente trabalho teve por objetivo testar a estabilidade de diferentes populações de aveia com base nas estimativas da capacidade geral e específica de combinação envolvendo cinco genitores. Os dados utilizados foram obtidos em dois experimentos conduzidos no Centro Agropecuário da Palma, na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizado no município de Capão do Leão/RS, nos anos de 2002 e 2003. Os resultados possibilitaram a identificação de caracteres com previsibilidade de comportamento, com grande suporte à seleção de caracteres quantitativos em gerações altamente segregantes. Para a discriminação das melhores constituições genéticas com base na

estabilidade do efeito de capacidade específica de combinação, o uso de avaliações em diferentes gerações e anos de cultivo, foi determinante.

Palavras Chave: *Avena sativa* L., análise dialélica, produção de grãos e melhoramento genético de plantas.

Preview of the combining ability in different oat populations

Abstract

The use of stability indexes in association with diallel analysis can represent a strong tool for the prediction and selection of quantitative traits. Thus, the present work had as objective to test the stability of different oat populations based on the general and specific combining ability of five parental genotypes. The data was obtained in 2002 and 2003, from two experiments carried on at the Centro Agropecuário da Palma, in the experimental field belonging to the Centro de Genômica e Fitomelhoramento, located in Capão do Leão County/RS. The results indicate the possibility of identification traits with preview of performance, with great potential of selection of quantitative traits in early generations. For the discrimination of the best genetic constitutions, with base on specific combining ability effects, evaluations in different generations and years were also important.

Keywords: *Avena sativa* L., diallel analysis, grain yield and plant breeding;

Introdução

A aveia branca (*Avena sativa* L.) constitui uma fonte com potencial econômico de produção de grãos e qualidade nutricional para alimentação humana e animal, sendo considerada de grande importância como cultura de

estação fria no Sul do Brasil (Barbosa Neto et al., 2000). Desta forma, torna-se constante a necessidade para os melhoristas de aveia disponibilizar permanentemente genótipos superiores com alta produtividade e que demonstrem estabilidade de produção. Para atingir estes objetivos, os programas de melhoramento de aveia precisam ser dinâmicos, rápidos e eficientes, de modo a atender as expectativas dos agricultores e do mercado consumidor.

O comportamento dos genótipos envolvidos em cruzamentos artificiais, seus híbridos F_1 e gerações subseqüentes, é digno de investigações, por predizer as potencialidades e fornecer estimativas de parâmetros genéticos essenciais no direcionamento de hibridações e seleção de constituições genéticas superiores em programas de melhoramento. Dentro deste contexto, a análise de cruzamentos dialélicos é de grande utilidade (Leffel e Weiss, 1958). Os sistemas de cruzamentos dialélicos são bastante utilizados no melhoramento de plantas, uma vez que possibilitam a avaliação da capacidade combinatória e do potencial heterótico de variedades ou linhagens em cruzamentos, ou nos estudos básicos da estrutura genética das populações (Geraldi e Miranda – Filho, 1998).

Diversos tipos de análise dialélica podem ser utilizadas: balanceados, parciais, circulantes, incompletos e desbalanceados (Cruz et al., 2004). Destes, merece destaque o dialelo balanceado de Griffing (1956), que considera a análise dialélica conjunta. Neste procedimento, é avaliado o efeito da interação entre os componentes da capacidade combinatória e o ambiente, pelas estimativas dos parâmetros das análises dialélicas descrito por Griffing (1956),

e de estabilidade e adaptabilidade conforme proposto por Eberhart and Russell (1966).

A avaliação de genótipos superiores que considera a análise individual de ambientes (anos específicos) conduz normalmente a escolhas deficitárias pela impossibilidade de identificar constituições genéticas superiores com base no comportamento médio em diferentes ambientes. Esta dificuldade, relatada por Allard (1999), vem destacando os anos de cultivo como o efeito de ambiente que proporciona ao melhorista a maior dificuldade de avaliação, principalmente em populações segregantes onde se espera obter ganhos com a seleção. Diversos autores, avaliando locais e anos, concluíram que o fator ano foi o de maior importância para a instabilidade de produção da cultura da aveia, sendo o local de pequena contribuição (Carvalho et al., 1982; Federizzi et al., 1993; Lorencetti et al., 2004; Benin et al., 2005).

O uso de índices de estabilidade em associação à análise dialéctica pode representar uma forte ferramenta no que diz respeito à maior previsibilidade de seleção de caracteres desejáveis. Dentro deste contexto, Pacheco et al. (1999), destacam o uso desta associação, como uma nova metodologia que permite inferências na adaptabilidade e estabilidade da capacidade geral e específica de combinação, provendo numa excelente alternativa para apresentar os resultados de análises dialécticas conduzidas em uma série de ambientes. Deste modo, os melhores genótipos serão aqueles com maiores efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) ou capacidade específica de combinação (CEC) associado ao comportamento previsível frente às gerações ou anos de cultivo.

Dada a importância da realização de estudos nesta área, o objetivo do trabalho foi testar a estabilidade de diferentes populações de aveia com base nas estimativas da capacidade geral e específica de combinação envolvendo cinco genitores, de modo a prever cruzamentos promissores que oportunizem incrementos em ganho genético em caracteres relacionados à produtividade de grãos.

Material e Métodos

O experimento foi instalado em campo experimental pertencente ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF) da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel UFPel, no município de Capão do Leão-RS, no ano agrícola de 2002 e 2003. No trabalho, foram utilizados cinco genótipos de aveia (UPF 16, UPF 18, UFRGS 7, UFRGS 17 e URPel 15) submetidos a cruzamentos artificiais conforme modelo dialélico completo sem os recíprocos, resultando conseqüentemente, em dez combinações híbridas. As sementes F_1 de cada combinação foram obtidas em casa-de-vegetação no período de estação quente no ano de 2002, sendo uma amostra armazenada a fim de ser semeada no período seguinte. Neste mesmo ano, no período recomendado de cultivo, foi desenvolvido experimento com a população F_1 e seus respectivos genitores, conduzidos em semeadura espaçada. No ano de 2003 foram instaladas a campo as gerações F_1 (armazenadas do ano anterior), F_2 e genitores, de modo a compor o estudo envolvendo gerações em distintos anos de avaliação.

As plantas foram conduzidas em linhas de 3 m de comprimento, com espaçamento de 0,3 m entre plantas e entre linhas. O delineamento adotado

nos dois anos de avaliação foi o de blocos casualizados com três repetições, sendo a planta individual considerada uma unidade de observação.

Foram avaliados os seguintes caracteres nos dois anos de cultivo: i) número de grãos por panícula ($NG P^{-1}$), contado na panícula principal de cada planta; ii) número de panículas por planta ($NP P^{-1}$), por meio da contagem do número de afilhos férteis de cada planta individualmente; iii) produção de grãos por planta ($PG P^{-1}$) por meio de trilha individual de cada planta, em gramas; e iv) peso de panícula (PP), obtido mediante o peso da panícula principal, em gramas.

Anteriormente à realização da análise de variância, os dados foram testados quanto às pressuposições estatísticas, sendo que todas as variáveis foram ajustadas utilizando a equação $\log_{10}(x)$. Posteriormente, os dados foram submetidos à análise de variância utilizando o programa computacional SAS *Learning Edition* (2002). Após foi realizada a análise conjunta de Griffing (1956), que associa análise dialélica com a de adaptabilidade e estabilidade, onde as somas de quadrados dos tratamentos foram decompostas em CGC e CEC e interações por meio da análise de variância dialélica, com auxílio do Programa Genes (2001).

Para discussão dos dados, não foi levado em consideração o índice de adaptabilidade, em virtude de que o objetivo principal do trabalho foi verificar a previsibilidade dos coeficientes de CGC e CEC para as constituições genéticas avaliadas nos diferentes ambientes ($E_1 = F_1 - 2002$, $E_2 = F_1 - 2003$ e $E_3 = F_2 - 2003$).

No procedimento de análise dialélica conjunta, para avaliação dos efeitos da interação entre os componentes da capacidade combinatória e o ambiente, são adotados os seguintes modelos, conforme Pacheco et al. (1999):

1) Para análise dialélica em cada ambiente

$$Y_{ij} = \mu + G_i + G_j + S_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}, \text{ onde:}$$

μ : efeito da média geral;

G_i e G_j : efeitos da capacidade geral de combinação (C.G.C.) associados ao i e j -ésimo genitor;

S_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação (C.E.C) entre os progenitores i e j ;

Y_{ij} e $\bar{\varepsilon}_{ij}$ são, respectivamente, a média experimental e o erro aleatório médio associado ao tratamento de ordem ij .

2) Para análise dialélica conjunta

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + G_j + S_{ij} + A_k + GA_{ik} + GA_{jk} + SA_{ijk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

onde: A_k : efeito do ambiente k ;

GA_{ik} e GA_{jk} : efeitos da interação entre a capacidade geral de combinação (C.G.C.) associados ao i e j -ésimo genitor com os ambientes, respectivamente;

SA_{ijk} : efeito da interação entre a capacidade específica de combinação (C.E.C) entre os genitores i e j e o ambiente.

3) Para associação entre análise dialélica e análise de estabilidade e adaptabilidade.

$$Y_{ijk} = \beta_0 + \beta_1 l_k + \hat{\sigma}_{d(CGC)ou(CEC)}^2 + \bar{\varepsilon}_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} : média do tratamento ij (genitor i , quando $i=j$, ou híbrido ij , quando $i \neq j$) no ambiente k ;

β_0 : média do tratamento ij ;

β_1 : coeficiente da regressão que expressa a adaptabilidade do tratamento ij ;

l_k : índice de ambiente;

$\bar{\varepsilon}_{ijk}$: erro experimental médio.

$\hat{\sigma}_{d(CG C)ou(CEC)}^2$: desvio da regressão, seguindo os seguintes modelos abaixo, conforme adaptação de Cruz et al. (2004).

$$QMDES(cgc)ou(cec) = \frac{SQDES(cgc)ou(cec)}{a - 2}, \text{ onde:}$$

$QMDES(cgc)ou(cec)$ = quadrado médio dos desvios da regressão para os efeitos da capacidade geral e específica;

$SQDES(cgc)ou(cec)$ = soma de quadrados dos desvios da regressão para os efeitos da capacidade geral ou específica;

a = número de ambientes considerados.

$$\hat{\sigma}_{d(CG C)ou(CEC)}^2 = \frac{QMDES(cgc)ou(cec) - QMR}{r}, \text{ onde:}$$

$\hat{\sigma}_{d(CG C)ou(CEC)}^2$ = desvios da regressão da constituição genética i , considerando os efeitos da CGC ou CEC nos ambientes de teste,

QMR = quadrado médio do resíduo da análise dialélica conjunta,

r = número de repetições.

Sendo testado a significância do parâmetro $\hat{\sigma}_{d(CG C)ou(CEC)}^2$ para cada constituição genética pelo seguinte teste F:

$$F = \frac{QMDES(cgc)ou(cec)}{QMR}$$

Quando o desvio da regressão foi estatisticamente diferente de zero, ou seja, de baixa previsibilidade, foi utilizado a medida auxiliar representada pelo coeficiente de determinação (R_i^2),

$$R_i^2 : \frac{SQ(reg.linear)i}{SQ(A/Gi)} \times 100, \text{ onde:}$$

R_i^2 = coeficiente de determinação;

$SQ(reg.linear)i$ = soma de quadrado da regressão linear do genótipo;

$SQ(A/Gi)$ = soma de quadrado de ambiente dentro de genótipo.

Os dados também foram submetidos à análise de médias comparando os três ambientes em cada tratamento pelo teste de *Tukey* a 5% de probabilidade de erro, e para comparação dos tratamentos dentro de cada ambiente, foi utilizado o teste de *Scott Knott* com o mesmo nível de significância. Foi empregada a análise de correlação de *Spearman* para identificar a possível associação entre os ambientes avaliados, considerando para isso os efeitos de CGC e CEC em cada tratamento.

Resultados

Conforme evidenciam os dados na Tabela 1, para a análise de variância conjunta, considerando o fator tratamento (cinco genitores e dez combinações) e ambiente (E), foi detectada interação em todos os caracteres. Entretanto, os caracteres PG P⁻¹ e NP P⁻¹ não sofreram influência da geração ou ano de avaliação quanto a CGC. Com relação à análise individual dos efeitos simples (para o E₂ = F₁ - 2003 e E₃ = F₂ - 2003) podem ser observadas diferenças em

todos os tratamentos e efeitos combinatórios (CGC e CEC) com base na expressão dos caracteres nas gerações avaliadas. Já em relação ao E_1 (geração F_1 conduzida no ano de 2002), não foi constatado o mesmo comportamento, visto que a CEC não diferiu para o caráter NP P^{-1} .

Através dos valores do quadrado médio (QM) para a CEC na geração F_1 - 2003 (E_2) e F_2 - 2003 (E_3), pode ser evidenciado para PG P^{-1} , forte redução de vigor de F_1 a F_2 , com 0,275 para 0,062 de QM, respectivamente. Já com base nas análises individuais de cada ambiente, os valores dos QM da CGC foram superiores aos da CEC para todos os caracteres avaliados, exceto para PG P^{-1} no E_1 (F_1 - 2002) e E_2 (F_1 - 2003) (Tabela 1).

Conforme verificado na Tabela 2, para análise de médias do caráter PG P^{-1} , o genótipo UPF 16, foi o único a evidenciar desempenho superior, diferindo significativamente dos demais genitores na média conjunta dos três ambientes. Com relação às combinações híbridas, cinco cruzamentos merecem destaque os cruzamentos CR1(UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / UFRGS 17), CR9 (UFRGS 7 / URPEL 15) e CR10 (UFRGS 17 / URPEL 15), com média elevada e superior. Já em relação ao caráter NP P^{-1} , o genótipo UPF 16, confere ao lado do genótipo UFRGS 7, desempenho médio superior, não diferindo significativamente entre si, sendo a combinação dos dois genitores (CR2), o cruzamento de maior desempenho para o caráter, com média superior.

Dentre os genótipos avaliados, UPF 18 evidenciou um comportamento muito superior aos demais para NG P^{-1} , com desempenho superior em todos os ambientes de teste, o mesmo pode ser verificado para o caráter PP. As combinações híbridas CR1, CR2, CR5 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR9, obtiveram

desempenho médio superior aos demais, contudo de grande destaque para o CR1, em virtude de ser o único cruzamento a não evidenciar diferença significativa entre os ambientes de teste, para o caráter. Em relação ao caráter PP, o CR1 foi novamente o de maior destaque, com desempenho estatisticamente superior às outras combinações, e aos próprios genitores envolvidos no dialelo.

De acordo com os dados da Tabela 3, em relação ao índice de estabilidade ($\hat{\sigma}_d^2$) pode ser verificado que não houve diferença significativa entre os genitores com relação aos efeitos de CGC para os quatro caracteres avaliados. Com base nos efeitos da CGC, para o caráter PG P⁻¹ podem ser indicados os genótipos UPF 16 e UFRGS 7 como os únicos a apresentar valores positivos na média conjunta dos ambientes testados, apresentando, ainda, o mesmo comportamento para o caráter NP P⁻¹. Com os efeitos de CGC para o caráter NG P⁻¹, pode ser observado o bom desempenho dos genótipos UPF 18 e UFRGS 7, com efeito positivo em todos os ambientes. Entretanto, o primeiro revela os maiores valores de CGC. O mesmo desempenho pode ser verificado no caráter PP para UPF 18, onde é o único genótipo com valores positivos de CGC em todos os ambientes de teste.

Conforme evidenciado para os parâmetros de CEC (s_{ii} e s_{ij}), há predominância de valores de s_{ij} (comportamento per se) negativos para os caracteres PG P⁻¹, NG P⁻¹ e PP e positivos para o caráter NP P⁻¹, com todos os genótipos de boa previsibilidade ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$), exceto para UPF 18 nos caracteres NG P⁻¹ e PP (Tabela 4). Sendo que UPF 16 e UPF 18, apresentam valores negativos de magnitude mais elevada para PG P⁻¹, o mesmo fato pode ser evidenciado nos caracteres NG P⁻¹ e PP, para o genótipo UPF 16.

Para o caráter PG P⁻¹, o maior efeito de CEC foi observado no CR1, quando analisada a média conjunta do efeito, mesmo apresentando valores positivos e negativos na análise individual de cada ambiente. Contudo, seu índice de estabilidade foi estatisticamente diferente de zero, não apresentando, desta forma, boa previsibilidade de comportamento do efeito de CEC, este fato é corroborado pelo desempenho muito inferior no E₁ (geração F₁ conduzida no ano de 2002) (Tabela 4). Por outro lado, outras combinações específicas merecem destaque, CR3, CR9 e CR10, pois apresentam efeitos positivos de CEC em todos os ambientes de teste, além de evidenciar boa previsibilidade ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$) para o efeito de CEC.

Nenhuma combinação revelou efeitos positivos de CEC para NP P⁻¹ nos três ambientes avaliados individualmente. Apenas três combinações, CR1, CR6 (UPF 18 / UFRGS 17) e CR10, conseguiram evidenciar, na média conjunta dos ambientes, efeitos positivos de CEC, com maior magnitude para CR1, entretanto, com valores positivos e negativos nos distintos ambientes. Por outro lado, todas as combinações evidenciaram boa previsibilidade ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$) para o caráter.

Com base nos resultados de CEC para o caráter NG P⁻¹, a combinação com melhor desempenho foi o CR1, considerando a média conjunta dos ambientes, além de evidenciar valores positivos em todos os ambientes de teste, não diferindo estatisticamente dos demais em relação ao índice de estabilidade. Com relação ao caráter PP, o CR1 apresentou o maior efeito de CEC, com valores positivos em todos os ambientes, contudo, esta combinação não apresenta bom desempenho de estabilidade para o caráter ($\hat{\sigma}_d^2 \neq 0$). Os

outros cruzamentos em que foram observados os maiores efeitos de CEC, CR2, CR3 e CR9 para o caráter PP, não diferiram estatisticamente de zero para o índice de estabilidade (Tabela 4).

Conforme evidenciado na Tabela 5, para o parâmetro de desempenho dos caracteres foram verificadas correlações significativas e elevadas somente nas gerações conduzidas no mesmo ano de cultivo ($E_2 \times E_3$), exceto para o caráter PP e NP P^{-1} , sendo o último em apenas uma associação. A correlação elevada e significativa dos efeitos de CGC entre todos os ambientes de análise, pode ser verificado para o efeito de CGC exceto para NG P^{-1} e PP em duas associações ($E_1 \times E_2$ e $E_1 \times E_3$). O mesmo não pode ser verificado no efeito de CEC, sendo correlacionados apenas os efeitos de CEC nos ambientes conduzidos no mesmo ano de teste, exceto para PP, no $E_1 \times E_2$.

Discussões

Os efeitos gênicos determinados pela capacidade geral e específica de combinação orientam o melhorista quanto ao direcionamento efetivo de genitores promissores em cruzamentos (Cruz et al., 2004). Contudo, a informação destes parâmetros genéticos aliada aos índices de estabilidade (desvio da regressão) proporcionará maiores detalhes, com vista na escolha das melhores combinações (Pacheco et al., 1999), ou seja, além da complementaridade de genes, infere-se sobre a probabilidade do efeito genotípico dos complementares se manifestarem em diferentes locais e anos de cultivo (ambientes).

Pode ser destacado neste trabalho, com a significância da interação Tratamento vs Ambiente, a necessidade de avaliar os efeitos do dialelo (CGC e

CEC) de forma conjunta, envolvendo os ambientes distintos, visto que as avaliações em anos isolados não possibilitarão identificar possíveis interações, acarretando em respostas diferenciadas no comportamento das constituições genéticas e, conseqüentemente, menor previsibilidade dos efeitos de um dialelo. Por outro lado, os caracteres PG P^{-1} e NP P^{-1} não sofreram influência da geração ou ano de avaliação quanto à CGC, indicando que este efeito oportuniza interpretações conclusivas, com avaliação em um único ambiente. Ou seja, independente do ambiente, os genitores foram efetivos em transmitir à progênie a manifestação fenotípica dos caracteres PG P^{-1} e NP P^{-1} , mesmo estes sendo caracteres quantitativos com forte influência do ambiente. Isto sugere que estes caracteres sempre devem ser considerados na escolha de genitores.

Na CEC, é visível forte alteração em função de ano e geração testada. Com base na geração, esta modificação é esperada em virtude dos efeitos gênicos, pelas interações de dominância e epistasia envolvidas na geração segregante e recombinação de distintos alelos na população. Contudo, as modificações da CEC com base no ano de cultivo evidenciaram de sobremaneira dificuldades em informações mais precisas de comportamento das combinações que oportunizaram incremento de heterose na geração F_1 . Desta forma, é possível confirmar a necessidade de se implementar uma análise dialélica que permita gerar inferências sobre os efeitos da interação associada a um índice de estabilidade.

A forte expressão de heterose no caráter PG P^{-1} , evidenciado nas gerações conduzidas no mesmo ano de avaliação (E_2 e E_3), destaca a redução de vigor de F_1 a F_2 , sendo fundamental para o melhorista, visto que

combinações que evidenciem o maior valor heterótico na geração F_1 oportunizam, conseqüentemente, incremento no número de classes genotípicas de seleção na geração F_2 .

A superioridade dos valores de QM (%) da CGC sobre a CEC encontrados neste trabalho permite estabelecer a hipótese de que os efeitos gênicos aditivos foram de maior importância na maioria dos caracteres, podendo resultar em maior consistência da expressão destes caracteres na geração F_2 (Allard, 1999). Estes resultados estão de acordo com os obtidos para a cultura do trigo (Joshi et al., 2004). Com relação à análise de médias, os genitores com desempenho médio significativamente superior aos demais para PG P^{-1} , NP P^{-1} , NG P^{-1} e PP foram os mesmos que apresentaram na média dos ambientes avaliados os maiores efeitos de CGC, ou seja, UPF 16 para PG P^{-1} e NP P^{-1} e UPF 18 para NG P^{-1} e PP, revelando, desta forma, a grande influência da média do caráter no efeito de CGC, corroborando desta forma a hipótese da maior contribuição de alelos aditivos, neste caso, nas respectivas populações.

Mesmo com o efeito da interação significativo (CGC x E), em dois caracteres (NG P^{-1} e PP) não foi encontrada diferença significativa entre os genótipos para a estabilidade dos efeitos de CGC, provavelmente em virtude das avaliações serem realizadas em apenas três ambientes, sendo dois destes, gerações conduzidas no mesmo ano. Desta forma, inferências em um maior número de ambientes e anos de avaliação poderão ser mais decisivas na discrepância entre os efeitos de CGC para os genótipos avaliados. Além disto, a análise realizada com maior número de genitores poderá incrementar no uso

desta metodologia, por outro lado, poderia ocasionar maiores dificuldades com o maior número de combinações a realizar.

O elevado desempenho de CGC dos genótipos UPF 16 e UFRGS 7 para $PG P^{-1}$ e $NP P^{-1}$ revela um elevado potencial genético destes genitores em transferir alelos favoráveis visando melhorar o desempenho das populações no caráter, pois quanto mais elevados forem os efeitos de g_i (CGC), positivos ou negativos, determinado genitor será considerado muito superior ou inferior aos demais incluídos no dialelo (Cruz et al., 2004). Desta forma, a utilização destes em blocos de cruzamento com o objetivo de incrementar a produtividade de grãos e o número de panículas em aveia, hipótese embasada na complementaridade de genes, sugere que ao serem combinados com os demais, determinem maior amplitude efetiva de seleção, com grande probabilidade na obtenção de progênes superiores. O mesmo pode ser evidenciado para o genótipo UPF 18, no que se refere aos caracteres $NG P^{-1}$ e PP . A prioridade depositada em genótipos com elevada CGC, se deve ao fato de os mesmos oportunizarem maior efetividade e facilidade de seleção pela ação de genes aditivos envolvidos na expressão do caráter, sendo, sobretudo, importante para espécies autógamas, por serem fixados ao longo das sucessivas gerações de autofecundação (Cruz et al., 2004).

O pior desempenho de CGC foi observado para o genótipo UPF 18, com efeito reduzido e negativo de $NP P^{-1}$, revelando ainda, média de classe inferior, o que possibilita, desta forma, inferir que o uso deste genótipo em blocos de cruzamento poderá implicar na redução do $NP P^{-1}$. Este fato é altamente indesejável para cultura da aveia, uma vez que estudos recentes demonstram que o caráter $NP P^{-1}$ revela elevada correlação com $PG P^{-1}$, sendo, portanto,

de considerável importância na escolha de constituições genéticas que maximizem a produção em aveia (Lorencetti et al., 2006).

Por outro lado, para o caráter PP, deve ser enfatizado o uso deste genótipo (UPF 18) em programas de melhoramento, seja na recomendação de genótipos elite ou na indicação de cruzamentos com o objetivo de seleção indireta através do PG P^{-1} em virtude do elevado valor de CGC para PP. Diversos estudos demonstram o grande potencial do caráter PP como critério de seleção indireta para PG P^{-1} (Caierão et al., 2001; Kurek et al., 2002; Benin et al., 2003). Além disso, resultados obtidos por Chapko and Brinkman (1991) e Chandhanamutta and Frey (1973) demonstram que o peso de panícula apresentou elevadas correlações fenotípicas com o número de grãos/panícula, variando de 0,57 a 0,90, confirmando a efetividade do PP na seleção indireta para rendimento de grãos. Possivelmente, o sucesso da utilização do PP deve-se principalmente a dois fatores: elevada herdabilidade do caráter e forte associação com rendimento de grãos (PG P^{-1}) (Marchioro et al., 2003).

Conforme destacam Cruz et al. (2004), na avaliação das melhores combinações híbridas, deve ser levadas em consideração não apenas as estimativas de CGC (g_i) e de CEC (s_{ij}), mas também as estimativas de CEC no comportamento *per se* (s_{ij}), permitindo a melhor escolha dos híbridos. Neste sentido, através da estimativa de s_{ij} nas diferentes gerações e anos de cultivo, ficou constatada a herança unidirecional para todos os caracteres avaliados. Conforme destacam Cruz et al. (2004), o modelo bidirecional somente pode ser encontrado quando há predominância de valores positivos e negativos do parâmetro s_{ij} .

O sinal do parâmetro s_{ij} indica a direção dos desvios de dominância do caráter. Desta forma, quando o valor de s_{ij} for negativo, o genitor i contribuirá positivamente para a heterose, e quanto maior for o valor absoluto de s_{ij} , maior será sua contribuição para a heterose de seus híbridos (Cruz e Vencovsky, 1989; Cruz et al., 2004). Neste sentido, os genótipos UPF 16 e UPF 18 são os que proporcionam a maior heterose positiva nos híbridos para PG P^{-1} , considerando o comportamento médio dos genitores nos distintos ambientes, em virtude de apresentar valores de magnitude mais elevada, de sinal negativo. Além disto, não foi verificado quanto ao índice de estabilidade ($\hat{\sigma}_d^2$) diferença significativa entre os genótipos testados para o caráter.

Para o caráter NP P^{-1} , os genótipos UPF 16, UFRGS 7 e URPeI 15 são os que possuem os maiores valores com vistas à heterose negativa nos híbridos, resultante do comportamento médio inferior de um híbrido em relação à média de seus genitores. Porém, a heterose negativa, observada no uso destes genótipos, deve ser justificada pela dominância direcionada à redução da expressão do caráter. Em relação aos caracteres NG P^{-1} e PP, pode ser verificado para o índice de estabilidade do efeito CEC (s_{ij}), a reduzida previsibilidade do genótipo UPF 18, frente aos ambientes testados, indicando grande dificuldade de interpretações dos parâmetros genéticos relacionados ao uso deste genótipo em diferentes combinações.

Os efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}) ou CEC correspondem ao desvio do desempenho médio de uma combinação particular em relação à média dos genitores envolvidos no cruzamento (Falconer, 1981). Neste sentido, o uso do CR1, é de grande valia para o melhorista com valores positivos e elevados CEC para todos os caracteres avaliados, considerando a

média conjunta dos ambientes, pois, conforme verificado neste trabalho, ao menos um genótipo em cada combinação híbrida realizada com estes genitores, possui elevado efeito de CGC, já que UPF 16 possui os maiores efeitos de CGC para PG P⁻¹ e NP P⁻¹, enquanto que UPF 18 revela os maiores efeitos para NG P⁻¹ e PP, fato este que deve ser levado em consideração, pela maior contribuição de genes de efeito aditivo para o caráter.

Para Cruz et al. (2004), a combinação híbrida mais favorável deve ser aquela que, além de apresentar maior estimativa da CEC, seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos genitores apresente elevada CGC. Contudo, esta combinação evidenciou diferença quanto à análise de médias e na previsibilidade dos efeitos de CEC em relação às outras combinações avaliadas para os caracteres em estudo. Neste sentido, esta falta de consistência dos resultados de estabilidade do efeito de CEC para o CR1, nos diferentes caracteres avaliados, revela que os mecanismos genéticos que governam a heterose em aveia são largamente influenciados pelas variações do ambiente. Desta forma, possíveis inferências de parâmetros genéticos devem ser obtidos em diferentes ambientes, preferivelmente em diferentes gerações e anos de cultivo. Somente assim, pode ser possível avançar com cruzamentos promissores e ter sucesso em um programa de melhoramento para caracteres de controle genético complexo.

Desta maneira, pode ainda ser destacado para CEC do caráter PG P⁻¹, os CR2, CR9 e CR10, de boa previsibilidade ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$), conforme destacam Cruz et al. (2004), índice de estabilidade zero ou próximo a zero evidenciam previsibilidade na expressão fenotípica do caráter. Além disso, evidenciam média estatisticamente igual ao CR1. Para o caráter PP, o CR3 revela ser o de

maior destaque, não só pelo bom desempenho de estabilidade do efeito ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$), mas também por apresentar efeito heterótico positivo, resultado do desempenho superior a médias dos genitores. Para os caracteres NG P⁻¹ e NP P⁻¹, o cruzamento de maior efeito de CEC (CR1), revelando valores com boa previsibilidade de CEC nos diferentes ambientes avaliados e desempenho estatisticamente superior na média conjunta, sendo, portanto preferível na indicação de constituições genéticas com base em mais de um parâmetro de avaliação.

Pode ser ainda dado ênfase à combinação UPF 16 / UFRGS 7 (CR2), como destaque para NGP, com um elevado efeito de CEC, e desempenho médio conjunto estatisticamente igual ao CR1 (UPF 16 / UPF 18), além de boa previsibilidade do efeito CEC ($\hat{\sigma}_d^2 = 0$). Convém ainda ressaltar o efeito heterótico positivo desta combinação, onde o resultado médio deste cruzamento supera significativamente o comportamento médio dos genitores envolvidos no cruzamento, manifestando a grande participação de locos dominantes que elevaram o valor do caráter.

Desta forma, de acordo com os resultados obtidos por Benin et al. (2005) e Lorencetti et al. (2006), os quais estabelecem a real associação de caracteres pelas correlações positivas e elevadas de NGP, PP, NP P⁻¹ com PG P⁻¹, podem ser indicadas possíveis combinações para o incremento no PG P⁻¹, via seleção indireta nestes caracteres, como observado nos cruzamentos CR1, CR3 e CR2, para NP P⁻¹, PP e NG P⁻¹, respectivamente.

A significância da grande maioria dos valores de correlação entre os efeitos de CGC nos diferentes ambientes revela o grande potencial destes

genótipos para uso do melhorista com o objetivo de inferir sobre o efeito de CGC, com grande previsibilidade de desempenho, ou seja, sem necessidade de avaliar em mais de um ambiente.

A avaliação das populações em diferentes gerações e anos de cultivo foi determinante na identificação das melhores constituições genéticas com base na previsibilidade do efeito de CEC, o que demonstra a necessidade de considerar mais de uma geração e/ou ano de avaliação na indicação de diferentes constituições genéticas com base nos efeitos dialélicos de CEC. Desta forma, podem ser obtidos respostas mais conclusivas e eficientes, de modo a obter efetivo ganho genético em diferentes processos de condução de populações de aveia.

Referências bibliográficas

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Wiley, 1999. 485p.
- BARBOSA NETO, J.F.; MATIELLO, R.R.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, J.M.S.; PEGORARO, D.G.; SHNEIDER, F.; SORDI, M.E.B.; VACARO, E. Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1605-1612, 2000.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C.; C.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A.J.; SILVA, J.A.G.; CARGININ; A.; SIMIONI, D. Estimativas de correlações e coeficientes de trilha como critérios de seleção para rendimento de grãos em aveia. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 9, p.9-16, 2003.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.; VIEIRA, E.A.; VALÉRIO, I.P.; SILVA, J.A.G. Estimativas de correlações

genotípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.3, p.523-529, 2005a.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; LORENCETTI, C.; VIEIRA, E. A.; COIMBRA, J.L.M.; VALÉRIO, I.P.; FLOSS, E.L.; BERTAN, I.; SILVA, G.O. Adaptabilidade e estabilidade em aveia em ambientes estratificados. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 2, p. 295-302, 2005b.

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

CARVALHO, F.I.F.; FEDERIZZI, L.C.; NODARI, R.O.; FLOSS, E.; GANDIN, C.L. Analysis of stability parameters and of genotype x environment interaction in oats grain yield in Rio Grande do Sul (Brasil). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 5, p.517-532, 1982.

CHANDHANAMUTTA, P., FREY, K.J. Indirect mass selection for grain yield in oat populations. **Crop Science**, Madison, v.13, p.470-473, 1973.

CHAPKO, L.B., BRINKMAN, M.A. Interrelationships between panicle weight, grain yield and grain yield components in oat. **Crop Science**, Madison, v.31, p.878-882, 1991.

CRUZ, CRUZ, C.D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004, 480p.

CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 425-438, 1989.

EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, n.1, p.36-40, 1966.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV. Imp. Univ. 1981. 279p.

FEDERIZZI, L.C.; BARBOSA NETO, J.F.; CARVALHO, F.I.F.; VIAU, L.V.M.; SEVERO, J.L.; FLOSS, E.L.; ALVES, A.; ALMEIDA, J.; SILVA, A.C. Estabilidade do rendimento de grãos em aveia: efeito do uso de fungicidas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, 465-472, 1993.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Collingwood, v.9, p.463-493, 1956.

JOSHI, S.K.; SHARMA, S.N.; SINGHANIA, D.L. e SAIN, R.S. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*triticum aestivum* L. em. Thell). **Heredity**, New York, v.141, p.115-121, 2004.

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; CARGNIN, A.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C. Coeficiente de correlação entre caracteres agrônômicos e de qualidade de grãos e sua utilidade na seleção de plantas de aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.3, p.371-376, 2002.

LEFFEL, R.C.; WEISS, M.G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, v.50, p.528-534, 1958.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; MARCHIORO, V.S.; BENIN, G.; OLIVEIRA, A.C.; FLOSS, E.L. Implicações da aplicação de fungicida nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de rendimento de grãos em aveia branca . **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 693-700, 2004.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; HARTWIG, I.; BENIN, G.; SCHMIDT, D. Aplicability of phenotypic and canonic correlations and path coefficients in the selection os oat genotypes. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.63, n.1, p., 2006.

MARCHIORO, V.S.; CARVALHO, F.I.F. OLIVEIRA, A.C.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; KUREK, A.; HARTWIG, I. Herdabilidade e correlações para caracteres de panícula em populações segregantes de aveia. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.9, n.4, p.323-328, 2003.

PACHECO, C.A.P.; CRUZ, C.D.; SANTOS, M.X. Association between Griffing's diallel and the adaptability and stability analyses of Eberhart and Russell. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.22, n.3, p.451-456, 1999.

SAS LEARNING EDITION. **Getting started with the SAS Learning Edition**, Care, North Carolina: SAS Institute Inc., 2002.

Tabela 1. Quadrados médios da análise de variância dialélica pelo modelo de análise dialélica conjunta, para quatro caracteres⁽⁺⁾ de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

Quadrados médios (QM) - Análise conjunta					
Fontes de Variação	GL	PG P ⁻¹	NP P ⁻¹	NG P ⁻¹	PP
Tratamento	14	0,314*	0,326*	0,288*	0,341*
CGC	4	0,353*	0,980*	0,554*	0,442*
CEC	10	0,298*	0,064	0,182*	0,301*
Ambiente	2				
Tratamento x Ambiente (E)	28	0,093*	0,040*	0,044*	0,036*
CGC x E	8	0,051	0,032	0,051*	0,024*
CEC x E	20	0,110*	0,044*	0,041*	0,040*
Resíduo	84	0,038	0,017	0,010	0,011
Coeficiente de Variação (%)		14,02	10,08	3,93	13,35
QM - Análise Individual E ₁ (F ₁ – 2002)					
Tratamento	14	0,135	0,088*	0,139*	0,095*
CGC	4	0,019	0,198*	0,335*	0,150*
CEC	10	0,182*	0,044	0,060*	0,074*
Resíduo	28	0,066	0,032	0,016	0,021
Coeficiente de Variação (%)		7,90	8,24	2,52	8,13
QM - Análise Individual E ₂ (F ₁ – 2003)					
Tratamento	14	0,267*	0,175*	0,150*	0,205*
CGC	4	0,249*	0,473*	0,212*	0,207*
CEC	10	0,275*	0,057*	0,125*	0,204*
Resíduo	28	0,029	0,010	0,010	0,006
Coeficiente de Variação (%)		6,20	5,34	2,17	5,11
QM - Análise Individual E ₃ (F ₂ – 2003)					
Tratamento	14	0,098*	0,142*	0,087*	0,113*
CGC	4	0,188*	0,372*	0,108*	0,132*
CEC	10	0,062*	0,051*	0,078*	0,105*
Resíduo	28	0,020	0,009	0,005	0,006
Coeficiente de Variação (%)		5,42	5,06	1,52	5,52

⁽⁺⁾ Caracteres: PG P⁻¹ (produção de grãos por planta), NP P⁻¹ (número de panículas por planta), NG P⁻¹ (número de grãos por panícula) e PP (peso de panícula).

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade de erro pelo teste F.

Tabela 2. Análise de médias⁽⁺⁺⁾ para quatro caracteres de aveia, em 15 tratamentos nos três ambientes de avaliação (E₁= F₁-2002; E₂= F₁-2003 e E₃= F₂-2003). CGF/FAEM-UFPel, Pelotas, 2006.

		UPF 16	UPF 18	UFRGS 7	UFRGS 17	URPel 15	CR1*	CR2	CR3	CR4	CR5	CR6	CR7	CR8	CR9	CR10
PG P ⁻¹ (⁺)	E ₁ = F ₁ -2002	a 28 B	a 19 C	a 24 C	a 24 C	a 23 C	ab 27 B	a 40 A	a 30 B	a 20	a 30 B	a 31 B	a 39 A	a 24 C	a 31 B	a 28 B
	E ₂ = F ₁ -2003	b 16 C	b 10 D	b 13 C	b 12 D	b 13 C	a 32 A	b 20 B	ab 21 B	a 16 C	b 14 C	b 14 C	b 11 D	ab 17 B	b 19 B	ab 19 B
	E ₃ = F ₂ -2003	16 A	10 B	13 A	12 B	13 A	b 20 A	b 16 A	b 16 A	a 15 A	b 12 B	b 12 B	b 11 B	b 14 A	b 14 A	b 15 A
	Média Conjunta	20 A	13 B	17 B	16 B	16 B	26 A	25 A	22 A	17 B	19 B	19 B	20 B	18 B	22 A	20 A
NP P ⁻¹	E ₁ = F ₁ -2002	a 11 A	a 6 C	a 11 A	a 10 B	a 8 B	a 8 B	a 11 A	a 9 B	a 8 B	a 9 B	a 9 B	a 9 B	a 9 B	a 9 B	a 9 B
	E ₂ = F ₁ -2003	a 10 A	a 5 D	a 10 A	b 7 C	a 7 C	a 9 A	ab 9 A	ab 8 B	a 6 C	b 6 C	b 5 D	b 5 D	a 7 B	ab 8 B	ab 7 C
	E ₃ = F ₂ -2003	10 A	5 C	10 A	7 B	7 B	a 8 B	b 7 B	b 7 B	a 7 B	b 5 C	b 5 C	b 5 C	a 8 B	b 7 B	b 6 B
	Média Conjunta	11 A	5 C	10 A	8 B	7 B	8 B	9 A	8 B	7 B	7 B	7 B	7 B	6 C	8 B	8 B
NG P ⁻¹	E ₁ = F ₁ -2002	a 109 C	a 225 A	a 158 B	a 169 B	a 108 C	a 160 B	a 167 B	a 166 B	a 109 C	ab 169 B	a 152 B	a 152 B	a 174 B	a 174 B	a 117 C
	E ₂ = F ₁ -2003	b 72 D	b 130 B	b 110 C	b 97 C	a 101 C	a 169 A	ab 139 B	b 113 C	a 112 C	a 171 A	ab 138 B	ab 133 B	b 123 B	ab 151 A	a 123 B
	E ₃ = F ₂ -2003	72 D	130 A	110 B	97 C	101 C	a 147 A	b 127 A	b 120 B	a 116 B	b 138 A	b 119 B	b 115 B	b 110 B	b 128 A	a 109 B
	Média Conjunta	84 D	162 A	126 C	121 C	103 C	159 A	145 A	133 B	112 C	160 A	137 B	134 B	136 B	151 A	116 C
PP	E ₁ = F ₁ -2002	a 5 C	a 9 A	a 5 C	a 5 C	a 5 C	a 9 A	a 6 C	a 7 B	a 5 C	a 6 C	a 7 B	a 6 C	a 6 C	a 7 B	a 6 C
	E ₂ = F ₁ -2003	b 3 E	b 5 C	b 3 E	b 3 E	b 4 D	a 8 A	b 5 C	b 5 C	a 5 C	a 6 B	a 6 B	a 6 B	b 4 C	b 5 C	a 5 C
	E ₃ = F ₂ -2003	3 D	5 B	3 D	3 D	4 C	b 6 A	b 5 A	b 5 A	a 5 C	a 5 A	b 5 C	a 5 C	b 4 D	c 4 C	b 4 C
	Média Conjunta	4 D	6 B	4 D	4 D	5 C	7 A	6 B	6 B	5 B	6 B	6 B	5 B	5 C	6 B	5 B

* Combinações: CR1 - UPF 16 / UPF 18; CR2 - UPF 16 / UFRGS 7; CR3 - UPF 16 / UFRGS 17; CR4 - UPF 16 / URPEL 15; CR5 - UPF 18 / UFRGS 7; CR6 - UPF 18 / UFRGS 17; CR7 - UPF 18 / URPEL 15; CR8 - UFRGS 7 / UFRGS 17; CR9 - UFRGS 7 / URPEL 15; e CR10 - UFRGS 17 / URPEL 15; (⁺)Caracteres: PG P⁻¹ (produção de grãos por planta), NP P⁻¹ (número de panículas por planta), NG P⁻¹ (número de grãos por panícula) e PP (peso de panícula).

(⁺⁺) Médias de Tratamentos seguidas da mesma letra maiúscula na horizontal não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scot Knot, a 5% de probabilidade de erro, e Médias de Ambientes seguidas da mesma letra minúscula na vertical não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 3. Capacidade geral de combinação (g_i) e índice de estabilidade ($\sigma_{d(CGC)}^2$) de cinco genitores de aveia, em quatro caracteres, para os três ambientes avaliados. CGF/FAEM-UFPeI, Pelotas, 2006.

Caracteres*	Geração e Anos avaliados	Genótipos				
		UPF 16	UPF 18	UFRGS 7	UFRGS 17	URPeI 15
PG P ⁻¹	E ₁ = F ₁ - 2002	0,027	-0,022	0,038	-0,028	-0,016
	E ₂ = F ₁ - 2003	0,176	-0,12	0,007	-0,023	-0,04
	E ₃ = F ₂ - 2003	0,149	-0,11	0,006	-0,036	-0,01
	Média Conjunta	0,118	-0,084	0,017	-0,029	-0,022
	$\sigma_{d(CGC)}^2$	-11,2 ^{ns}	-12,4 ^{ns}	-12,8 ^{ns}	-12,8 ^{ns}	-12,4 ^{ns}
	R _i ²	86,50	91,00	99,00	5,00	6,00
NP P ⁻¹	E ₁ = F ₁ - 2002	0,056	-0,144	0,111	0,014	-0,037
	E ₂ = F ₁ - 2003	0,173	-0,187	0,134	-0,057	-0,064
	E ₃ = F ₂ - 2003	0,149	-0,186	0,108	-0,029	-0,042
	Média Conjunta	0,126	-0,172	0,118	-0,024	-0,048
	$\sigma_{d(CGC)}^2$	-4,9 ^{ns}	-5,8 ^{ns}	-5,4 ^{ns}	-5,1 ^{ns}	-5,5 ^{ns}
	R _i ²	87,72	94,14	7,70	71,05	30,76
NG P ⁻¹	E ₁ = F ₁ - 2002	-0,107	0,14	0,088	0,033	-0,155
	E ₂ = F ₁ - 2003	-0,113	0,138	0,064	-0,062	-0,027
	E ₃ = F ₂ - 2003	-0,072	0,104	0,041	-0,049	-0,023
	Média Conjunta	-0,097	0,128	0,064	-0,026	-0,068
	$\sigma_{d(CGC)}^2$	-2,9 ^{ns}	-3,17 ^{ns}	-3,5 ^{ns}	-2,87 ^{ns}	-3,07 ^{ns}
	R _i ²	34,48	52,00	94,11	86,95	95,54
PP	E ₁ = F ₁ - 2002	-0,003	0,144	-0,029	-0,039	-0,074
	E ₂ = F ₁ - 2003	-0,038	0,163	-0,093	-0,051	0,019
	E ₃ = F ₂ - 2003	0,002	0,126	-0,067	-0,069	0,008
	Média Conjunta	-0,013	0,145	-0,063	-0,053	-0,016
	$\sigma_{d(CGC)}^2$	-2,9 ^{ns}	-3,2 ^{ns}	-3,0 ^{ns}	-3,8 ^{ns}	-3,1 ^{ns}
	R _i ²	4,00	5,00	58,70	85,70	85,70

*Caracteres: PG P⁻¹ (produção de grãos por planta), NP P⁻¹ (número de panículas por planta), NG P⁻¹ (número de grãos por panícula) e PP (peso de panícula).

^{ns}Não houve diferença significativa quanto aos ambientes avaliados para o desvio da regressão.

Tabela 4. Capacidade específica de combinação (s_{ii} e s_{ij}) e índice de estabilidade ($\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$) de 15 tratamentos, nos três ambientes de avaliação, CGF/FAEM-UFPEL, Pelotas, 2006.

		UPF 16	UPF 18	UFRGS 7	UFRGS 17	URPEL 15	CR1 ⁽⁻⁾	CR2	CR3	CR4	CR5	CR6	CR7	CR8	CR9	CR10
PG P ⁻¹	E ₁ = F ₁ -2002	-0,04	-0,304	-0,19	-0,09	-0,128	-0,006	0,337	0,072	-0,322	0,026	0,186	0,401	-0,118	0,136	0,041
	E ₂ = F ₁ -2003	-0,354	-0,228	-0,194	-0,267	-0,076	0,633	0,066	0,159	-0,149	0,004	0,018	-0,198	0,087	0,231	0,269
	E ₃ = F ₂ -2003	-0,159	-0,105	-0,051	-0,1	0,005	0,348	-0,021	0,042	-0,052	0,001	-0,02	-0,12	0,069	0,053	0,108
	Média Conjunta	-0,185	-0,212	-0,145	-0,152	-0,066	0,325	0,128	0,091	-0,174	0,01	0,062	0,028	0,013	0,14	0,139
	$\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$	16,40 ^{ns}	-8,90 ^{ns}	-5,10 ^{ns}	4,20 ^{ns}	-1,12 ^{ns}	65,00*	-38,50 ^{ns}	-5,60 ^{ns}	-11,90 ^{ns}	-12,30 ^{ns}	-12,80 ^{ns}	8,70 ^{ns}	-10,80 ^{ns}	2,50 ^{ns}	5,60 ^{ns}
R _i ²	47,70	80,50	42,00	12,00	81,00	62,00	99,00	0,40	97,5	99,00	99,00	90,00	92,00	2,00	33,00	
NP P ⁻¹	E ₁ = F ₁ -2002	0,096	-0,158	0,022	0,038	0,013	-0,06	0,077	-0,084	-0,124	0,049	0,184	0,144	-0,149	-0,02	-0,027
	E ₂ = F ₁ -2003	0,023	0,01	0,072	0,049	0,115	0,248	-0,069	-0,001	-0,224	-0,063	-0,106	-0,099	-0,046	0,036	0,056
	E ₃ = F ₂ -2003	0,117	0,055	0,171	0,039	0,117	0,159	-0,18	-0,139	-0,074	-0,165	-0,028	-0,076	0,087	-0,084	0,001
	Média Conjunta	0,079	-0,031	0,088	0,042	0,082	0,115	-0,057	-0,075	-0,141	-0,06	0,017	-0,01	-0,036	-0,023	0,01
	$\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$	-1,10 ^{ns}	-0,58 ^{ns}	-2,70 ^{ns}	-5,80 ^{ns}	-5,70 ^{ns}	3,5 ^{ns}	-3,30 ^{ns}	3,70 ^{ns}	5,80 ^{ns}	-3,40 ^{ns}	1,80 ^{ns}	-3,60 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	1,10 ^{ns}	-3,70 ^{ns}
R _i ²	2,00	99,00	72,60	5,00	97,60	81,31	92,22	0,50	0,20	89,31	82,98	94,00	82,13	4,14	40,70	
NGP ⁻¹	E ₁ = F ₁ -2002	-0,119	0,121	-0,123	0,053	-0,019	0,01	0,124	0,172	-0,067	-0,114	-0,167	0,029	0,025	0,212	-0,136
	E ₂ = F ₁ -2003	-0,305	-0,223	-0,24	-0,114	-0,138	0,292	0,177	0,096	0,044	0,134	0,046	-0,027	-0,003	0,171	0,089
	E ₃ = F ₂ -2003	-0,319	-0,087	-0,127	-0,074	-0,079	0,216	0,139	0,17	0,112	0,046	-0,015	-0,073	-0,028	0,097	0,021
	Média Conjunta	-0,248	-0,063	-0,163	-0,045	-0,079	0,173	0,147	0,146	0,03	0,022	-0,045	-0,024	-0,002	0,16	-0,009
	$\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$	-2,80 ^{ns}	17,80*	4,35 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	6,25 ^{ns}	-2,50 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-3,20 ^{ns}	6,40 ^{ns}	2,40 ^{ns}	-3,30 ^{ns}	-3,40 ^{ns}	-2,30 ^{ns}	3,36 ^{ns}
R _i ²	96,90	64,21	9,50	79,29	52,33	76,89	28,26	9,70	97,76	68,38	75,03	95,51	92,85	81,28	73,77	
PP ⁽⁺⁾	E ₁ = F ₁ -2002	-0,174	0,048	-0,118	-0,124	-0,004	0,164	0,066	0,179	-0,06	-0,119	0,045	-0,185	0,03	0,258	-0,005
	E ₂ = F ₁ -2003	-0,358	-0,31	-0,278	-0,258	-0,174	0,355	0,169	0,188	0,005	0,121	0,128	0,016	0,069	0,197	0,131
	E ₃ = F ₂ -2003	-0,332	-0,131	-0,225	-0,117	-0,047	0,159	0,236	0,217	0,053	0,135	0,008	-0,04	0,004	0,075	0,006
	Média Conjunta	-0,288	-0,131	-0,207	-0,167	-0,075	0,266	0,157	0,195	-0,001	0,046	0,06	-0,07	0,035	0,177	0,044
	$\hat{\sigma}_{d(CEC)}^2$	-0,70 ^{ns}	29,40*	0,60 ^{ns}	8,30 ^{ns}	-8,40 ^{ns}	19,00*	-3,60 ^{ns}	-3,60 ^{ns}	-3,70 ^{ns}	18,10 ^{ns}	3,60 ^{ns}	2,10 ^{ns}	-1,70 ^{ns}	-0,80 ^{ns}	-6,40 ^{ns}
R _i ²	84,00	47,88	66,83	3,94	21,77	4,70	98,00	78,26	97,91	94,60	0,50	72,20	3,10	82,34	9,60	

⁽⁻⁾ Combinações: CR1 - UPF 16 / UPF 18; CR2 - UPF 16 / UFRGS 7; CR3 - UPF 16 / UFRGS 17; CR4 - UPF 16 / URPEL 15; CR5 - UPF 18 / UFRGS 7; CR6 - UPF 18 / UFRGS 17; CR7 - UPF 18 / URPEL 15; CR8 - UFRGS 7 / UFRGS 17; CR9 - UFRGS 7 / URPEL 15; e CR10 - UFRGS 17 / URPEL 15. * Diferença significativa quanto aos desvios da regressão e ^{ns} Não houve diferença significativa quanto ao desvio da regressão.

⁽⁺⁾ Caracteres: PG P⁻¹(produção de grãos por planta), NP P⁻¹ (número de panículas por planta), NG P⁻¹ (número de grãos por panícula) e PP (peso de panícula).

Tabela 5. Coeficientes de correlação de *Spearman* (r) entre os ambientes avaliados ($E_1 = F_1 - 2002$, $E_2 = F_1 - 2003$ e $E_3 = F_2 - 2003$) para os parâmetros de desempenho (média das populações e genitores), capacidade geral e capacidade específica de combinação (CGC e CEC) de quatro caracteres de aveia, CGF/FAEM-UFPEL, Pelotas, 2006.

Caracteres ⁽⁺⁾	Ambientes ⁽⁺⁺⁾	Parâmetros		
		Desempenho	CGC	CEC
PG P ⁻¹	E ₁ X E ₂	0.39	0.60*	-0.20
	E ₁ X E ₃	0.20	0.80*	-0.43
	E ₂ X E ₃	0.90*	0.90*	0.91*
NP P ⁻¹	E ₁ X E ₂	0.52*	0.90*	-0.32
	E ₁ X E ₃	0.35	0.90*	-0.38
	E ₂ X E ₃	0.86*	0.98*	0.30*
NG P ⁻¹	E ₁ X E ₂	0.36	0.70	0.23
	E ₁ X E ₃	0.45	0.70	0.30
	E ₂ X E ₃	0.86*	0.98*	0.78*
PP	E ₁ X E ₂	0.73*	0.30	0.85*
	E ₁ X E ₃	0.74*	0.40	0.60
	E ₂ X E ₃	0.77*	0.90*	0.63*

(⁺) PG P⁻¹ (produção de grãos por planta), NP P⁻¹ (número de panículas por planta), NG P⁻¹ (número de grãos por panícula) e PP (peso de panícula).

(⁺⁺) E₁= F₁-2002; E₂= F₁-2003 e E₃= F₂-2003.

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t*.

3. Parâmetros genéticos relacionados à herança do rendimento de grãos e seus componentes em aveia (*Avena sativa* L.)

Revista Scientia Agricola (Submetido)

Resumo

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, através da análise de gerações, pode representar uma ferramenta para o entendimento das bases genéticas de caracteres quantitativos. Neste sentido, o presente trabalho teve o objetivo de estimar os parâmetros genéticos envolvidos no caráter rendimento de grãos e seus componentes, por meio da análise de diferentes gerações, fornecendo ferramentas para a seleção de constituições genéticas com elevado potencial produtivo logo nas primeiras gerações de autofecundação. Os dados utilizados foram obtidos de experimentos conduzidos no Centro Agropecuário da Palma, na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizado no município de Capão do Leão/RS, nos anos de 2002 e 2003. Os resultados indicaram a presença de interações epistáticas significativas, para o caráter produção de grãos por planta, sendo estas determinantes no

conhecimento dos efeitos gênicos envolvidos em cada cruzamento. Por outro lado, os dados evidenciam que cruzamentos específicos entre genótipos de aveia podem proporcionar ganhos elevados na seleção em gerações iniciais. Além disto, os caracteres número de panículas por planta e peso de panícula evidenciaram menor complexidade nos efeitos gênicos estimados, sendo, portanto, de maior efetividade na seleção.

Palavras Chave: Média, variância, epistasia e produção de grãos.

Genetic parameters related to heritage of grain yield and its components in oat (*Avena sativa* L.)

Abstract

Obtaining estimates for genetic parameters using the generation analysis can represent a strong tool for the understanding of the genetic basis of quantitative traits. Thus, the present work aimed at estimating the genetic parameters involved in the trait grain yield and its components, through the analyses of different generations. This strategy would provide tools for the selection of high yielding genotypes at very early selfing generations. The data was obtained from experiments conducted at the Centro Agropecuário da Palma, in the experimental field belonging to the Centro de Genômica e Fitomelhoramento, located at Capão do Leão County, Rio grande do Sul State, Brazil, in the years 2002 and 2003. The results indicate the presence of significant epistatic interactions for the trait grain yield per plant, being essential for the understanding of genic effects in each cross. On the other hand, the data show that specific crosses in oats can lead to high genetic gains in the

selection at early generations. Additionally, the traits number of panicle per plant and panicle weight, presented the lowest complexity for the estimated genic effects, being suitable to a more effective selection.

Keywords: Mean, variance, epistasis and grain yield.

Introdução

A seleção de plantas de potencial superior tem sido uma tarefa de difícil alcance nos programas de melhoramento, uma vez que os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria, apresentam base genética complexa (herança quantitativa), e fortemente influenciados pelo ambiente (Benin et al., 2005). Neste sentido, a seleção em gerações altamente segregantes pode levar a erros consideráveis, já que a expressão de vigor em gerações iniciais é decorrente de um maior número de locos heteróticos que não são fixados de modo efetivo na próxima geração no direcionamento à homozigose (linha pura) (Coimbra et al., 1999).

O conhecimento das bases genéticas de caracteres quantitativos tem no rendimento de grãos a sua maior dificuldade, pois, segundo Novoselovic et al. (2004), a interação dos diferentes componentes do rendimento e os efeitos de ambiente dificultam na seleção direta do caráter, apontando que a seleção indireta por meio dos componentes do rendimento poderá representar em critério mais eficiente no alcance de ganho genético. Esta é, portanto, a grande razão da necessidade do conhecimento da arquitetura genética dos componentes que influenciam determinado caráter (Misra et al., 1994).

A busca de parâmetros genéticos que possam estimar o desempenho de caracteres quantitativos com maior precisão tem sido fortemente explorada pelos melhoristas de plantas na busca de maior eficiência de ganho de seleção. Neste sentido, o emprego da análise de gerações é uma técnica relevante para estimar os efeitos gênicos envolvidos em caracteres poligênicos, além de possibilitar considerar os efeitos epistáticos, que interferem na expressão do caráter (Singh e Singh, 1992). A grande necessidade de estimar os parâmetros genéticos está fundamentada em dois pontos: i) obter informações sobre a natureza da ação dos genes envolvidos na herança dos caracteres sob investigação e ii) estabelecer a base para a escolha dos métodos de melhoramento e pressão de seleção aplicáveis à população (Morais et al., 1997).

Em caracteres métricos (quantitativos), as questões primárias da genética são formuladas em termos de variância, e seu parcelamento em componentes atribuíveis a diferentes causas (Falconer, 1981). A primeira partição da variância genética (σ_G^2) foi determinada em 1918, quando foi demonstrada a existência de três componentes: i) variância aditiva, devido aos efeitos médios dos genes; ii) variância de dominância, devido à interação entre alelos do mesmo loco e iii) variância epistática, oriunda das interações entre alelos de locos distintos (Fisher, 1984).

O uso da análise de gerações tem proporcionado obter estimativas essenciais de parâmetros genéticos, potencializando o entendimento das bases genéticas de caracteres de importância agrônômica. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos

envolvidos no caráter rendimento de grãos e seus componentes, por meio da análise de diferentes gerações, fornecendo ferramentas para a seleção de constituições genéticas com elevado potencial produtivo logo nas primeiras gerações de autofecundação.

Material e métodos

O experimento foi instalado no ano agrícola de 2002 e 2003 em campo experimental pertencente ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF) da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM), Universidade Federal de Pelotas (UFPel), localizado no município de Capão do Leão-RS. No trabalho, foram utilizados cinco cultivares de aveia (UPF 16, UPF 18, UFRGS 7, UFRGS 17 e URPel 15) submetidos a hibridações artificiais, resultando em cinco combinações híbridas. As sementes F_1 de cada combinação foram obtidas em casa-de-vegetação na estação fria do ano de 2002. Neste mesmo ano (estação quente), foi desenvolvido em casa-de-vegetação a primeira geração de retrocruzamento [RC_1F_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_2F_1 ($F_1 \times P_2$)], assim como as sementes produzidas por autofecundação de plantas F_1 , para originar a geração F_2 .

A partir do ano de 2003, foram submetidas a campo as três gerações fixas (P_1 , P_2 e F_1) e as três segregantes (F_2 , RC_1F_1 e RC_2F_1). As plantas foram conduzidas em linhas de 3 m de comprimento, com espaçamento de 0,3 m entre plantas e entre linhas, sendo o delineamento experimental adotado o de blocos casualizados com três repetições, considerando a planta individual como uma unidade de observação.

Após a colheita das plantas, foram avaliados em laboratório os seguintes caracteres: i) número de panículas por planta (NP P⁻¹), por meio da contagem do número de afilhos férteis de cada planta individualmente; ii) produção de grãos por planta (PG P⁻¹), por meio de trilha individual de cada planta, em gramas; e iii) o peso de panícula (PP), obtido mediante o peso da panícula principal, em gramas.

A partir dos valores individuais de cada planta foram estimadas as médias e as variâncias para cada uma das gerações nos distintos cruzamentos. Foram estimadas as variâncias fenotípica (σ_P^2), genética (σ_G^2), aditiva (σ_A^2), dominante (σ_D^2) e de ambiente (σ_E^2), além das herdabilidades no sentido amplo e restrito, de acordo com as equações propostas por Allard (1999), onde:

$$\sigma_P^2 = \sigma_{F_2}^2$$

$$\sigma_E^2 = \frac{\sigma_{P_1}^2 + 2\sigma_{F_1}^2 + \sigma_{P_2}^2}{4}$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_{F_2}^2 - \sigma_E^2$$

$$\sigma_A^2 = 2\sigma_{F_2}^2 - (\sigma_{RC_1}^2 + \sigma_{RC_2}^2)$$

$$\sigma_D^2 = \sigma_G^2 - \sigma_A^2$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \text{ e } h_r^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

Quando encontrado valores negativos de variância de dominância (σ_D^2), foi utilizada a equação alternativa para o cálculo da mesma, conforme descrito por Carvalho (2001):

$$\sigma_D^2 = 4 \left(\sigma_{F_2}^2 - \frac{\sigma_A^2}{2} - \sigma_E^2 \right)$$

A estimativa de heterose foi realizada com base no modelo semelhante ao inicialmente proposto por Matzinger et al. (1962) e descrito por Gardner & Eberhart (1966):

$$H_1(\%) = \frac{(F_1 - MP)}{MP} * 100, \text{ onde:}$$

$H_1(\%)$ = heterose em relação à média dos genitores,

F_1 = média do híbrido e

MP = média dos genitores, sendo a média dos genitores obtida por:

$$MP = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

O cálculo de perda de vigor (PV) foi realizado com base no modelo descrito por Vencovsky & Barriga (1992):

$$PV(\%) = \frac{(MF_1 - MF_2)}{MF_1} * 100, \text{ onde:}$$

$PV(\%)$ = perda de vigor,

MF_1 = média da geração F_1 ,

MF_2 = média da geração F_2 .

Os efeitos gênicos em cada cruzamentos foram estimados para os caracteres PG P^{-1} , NP P^{-1} e PP, pelo método dos mínimos quadrados generalizados ponderados e testando o ajuste do modelo de seis parâmetros (modelo completo: média “m”, aditividade “a”, dominância “d”, aditividade x aditividade “a x a”, aditividade x dominância “a x d” e dominância x dominância “d x d”) e três parâmetros (modelo reduzido: média “m”, aditividade “a” e

dominância “d”), conforme Mather & Jinks (1982). A significância do parâmetro genético foi verificado pelo teste t , sendo:

$$t = \frac{\hat{e}}{DP}, \text{ onde:}$$

\hat{e} = estimativa do parâmetro e

DP = desvio padrão do parâmetro.

Resultados

Conforme os dados da Tabela 1, é observado através do teste t , diferença significativa entre todos os genitores (P_1 e P_2), avaliados individualmente nos três caracteres em estudo, exceto nos CR2 (UPF 16 / UFRGS 7) e CR3 (UPF 16 / URPEL 15) para o caráter PP. Os valores de variância permitiram destacar as gerações segregantes, principalmente a F_2 , como os de maior expressão, ao contrário da geração F_1 , onde foram observados os valores mais reduzidos.

Para os caracteres PG P^{-1} e PP, é observado a possível ocorrência de heterose positiva na geração F_1 , em todos os cruzamentos avaliados, com maior destaque para o CR1 (UPF 16 / UPF 18) no caráter PG P^{-1} . Já em relação ao caráter NP P^{-1} , não foi verificado o mesmo comportamento, entretanto, o CR1 foi a única combinação com efeito heterótico no caráter. Contudo, grande destaque pode ser conferido a cultivar UPF 16 quando presente nas combinações avaliadas, em virtude de influenciar de modo decisivo no caráter PG P^{-1} pelo desempenho apresentado pelo híbrido F_1 , indicando que este genitor transfere à suas progênes alelos que expressam magnitude superior.

O desempenho das gerações híbridas em relação aos genitores é apresentado na Tabela 2, destacando elevada magnitude e sinal positivo para os caracteres PG P⁻¹ e PP em todos os cruzamentos. A máxima expressão de vigor foi observada no CR1 (120,96% e 82,68%, para PG P⁻¹ e PP, respectivamente), revelando grande decréscimo da média da geração F₂ em relação à F₁. Com relação ao caráter NP P⁻¹, foi obtida reduzida expressão de heterose, exceto para o CR1, que evidenciou valores positivos.

Na Tabela 3, com base nos parâmetros genéticos de cada população, foi observado variação fenotípica (σ_p^2) elevada e de intensidade distinta nos diferentes cruzamentos analisadas e para os três caracteres em estudo. Quando comparados os valores de σ_G^2 e σ_E^2 , pode ser observado a menor participação do ambiente (σ_E^2) na composição da variância fenotípica total (σ_p^2). A variância aditiva (σ_A^2) demonstrou ser o efeito genético que possibilitou, de modo geral, as maiores participações para a variância genética (σ_G^2).

Com relação ao caráter PG P⁻¹, os cruzamentos evidenciaram comportamento diferenciado nos valores de σ_p^2 e σ_G^2 ; contudo, a variância atribuída aos efeitos genéticos (σ_G^2) expressou maior magnitude em relação à σ_E^2 em todos os cruzamentos. A maior contribuição da σ_D^2 na σ_G^2 para o caráter PG P⁻¹, foi encontrado no CR3, com participação de 60%, onde a σ_A^2 foi de 40%, resultando desta forma, no valor mais elevado de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), com 73,18%. Para a σ_A^2 , a maior contribuição foi observada no CR1, representando 83% da σ_G^2 , portanto de grande magnitude

sobre a variância de dominância (σ_D^2), proporcionando desta forma maior h^2r , com 53,08%.

Os valores mais elevados de σ_G^2 para o caráter NP P⁻¹ foram encontradas no CR1, com grande participação da σ_D^2 . Já o CR5 (UPF 18 / UFRGS 17), obteve 76% de participação da σ_D^2 na σ_G^2 , com reduzida h^2r (13,90%). Apenas os cruzamentos CR3 e CR4 (UPF 18 / UFRGS 7), evidenciaram superioridade da σ_A^2 sobre a σ_D^2 , sendo estes os de maior h^2r .

O caráter PP, foi o único a apresentar valor negativo de σ_D^2 , observado no CR5, sendo portanto, os valores recalculados de modo a eliminar o erro nas estimativas causado pela superestimação da aditividade. Neste caráter, pode ser destacado os CR4 e CR5, pelos valores mais elevados de σ_A^2 .

Conforme verificado na Tabela 4, para os três caracteres em estudo, foram testados primeiramente o modelo completo, com seis parâmetros (m, a, d, aa, ad e dd). Contudo, para os cruzamentos em que os efeitos epistáticos não foram significativos, foi usado o modelo reduzido de três parâmetros (m, a e d). Neste sentido, para o caráter PG P⁻¹, pelo menos um dos tipos de epistasia (a x a, a x d ou d x d) foi evidenciada para os cinco cruzamentos avaliados, sendo o efeito epistático (a x a) presente em todos os cruzamentos. Apenas os CR5 e CR3 apresentaram os três efeitos de interação significativos para o caráter.

Para o caráter NP P⁻¹, os CR3 e CR5 não evidenciaram interações epistáticas, sendo apresentado, portanto, o modelo reduzido de três parâmetros. Para tanto, o componente aditivo foi significativo para ambos os

cruzamentos, entretanto, o efeito de dominância, foi observado apenas para o CR3. Nos CR1, CR2 e CR4 foram detectados pelo menos uma das interações epistáticas, sendo o efeito a x a significativo nos três cruzamentos. Já em relação ao caráter PP, apenas o CR1 evidenciou interações significativas na análise do modelo completo (seis parâmetros).

Conforme verificado na Tabela 5, apesar da decomposição apresentada não ser ortogonal, a medida denotada por R^2 permite dar idéia da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível no caráter em estudo. Neste sentido, não considerando o efeito da média, o efeito genético mais importante na determinação do caráter PG P^{-1} foi o aditivo, com 47,79%, 29,92% e 31,21% para os CR1, CR3 e CR4, respectivamente, enquanto que as interações causadas pela dominância foram de reduzida magnitude dentre os efeitos simples. Considerando as interações epistáticas significativas nestes cruzamentos, estas contribuíram com 15,65%, 47,96% e 15,04% na média das gerações estudadas, para os CR1, CR3 e CR4, respectivamente.

Pode ainda ser verificado na Tabela 5, com relação ao caráter PG P^{-1} , a maior contribuição de interações epistáticas significativas para os CR2 e CR5, contribuindo com 56,53% e 35,01%, respectivamente. Além disto, o CR5 indicou efeitos de maior complexidade, por apresentar o componente aditivo (a) não significativo, e magnitudes consideráveis em todas as interações epistáticas.

Para o caráter NP P^{-1} , pode ser observado interações significativas para os CR1, CR2 e CR4, com diferentes contribuições destes efeitos na média das gerações estudadas, 14,31%, 45,87% e 7,61%, respectivamente, e efeito

aditivo significativo apenas nos CR1 (64,07%) e CR4 (88,89%), de influência nas médias das gerações estudadas. Já em relação ao caráter PP, o CR4 se destaca pela maior participação do componente aditivo do que o efeito de dominância no controle genético do caráter (Tabela 5).

Discussões

Além do uso de estatísticas como médias e variâncias, as estimativas de parâmetros genéticos como herdabilidade e componentes da variância fenotípica tem sido considerada como de grande importância na validação de populações com elevado potencial genético nos programas de melhoramento, orientando, desta forma, a adoção da estratégia mais eficiente de seleção (Vencovsky, 1969). Neste sentido, através dos parâmetros analisados, fica constatado a presença de variabilidade genética na grande maioria dos cruzamentos em estudo, o que demonstra o grande potencial das combinações híbridas no resgate de indivíduos superiores em populações segregantes de aveia.

A ocorrência de maior variabilidade genética nas gerações segregantes, principalmente em F_2 , é sustentada pela hipótese do maior número de locos segregantes em relação à geração de retrocruzamento. Por outro lado, a presença de valores com magnitude mais reduzida de variância para geração F_1 , segundo Carvalho et al. (2001), é devido a esta geração apresentar um comportamento mais estável (com maior homeostasia), podendo desta forma, ocorrer na população plantas com menor variação de ambiente quando comparado aos demais genótipos fixos.

Através dos valores de média e heterose para a geração F_1 , nos caracteres PG P^{-1} e PP, foi verificado a ocorrência de heterose positiva em todos os cruzamentos avaliados. Conforme destaca Fehr (1987), heterose ou vigor híbrido pode ser definido como a superioridade dos indivíduos da geração F_1 em relação aos seus genitores, o que pode ser significativo em aveia (autógama), em virtude de proporcionar maior amplitude de classes genotípicas de seleção na próxima geração. Em relação à geração F_2 , pode ser destacado em todos os cruzamentos, para os caracteres PG P^{-1} e PP, a ocorrência da possível segregação transgressiva, exceto no CR4, para PG P^{-1} . A segregação transgressiva ocorre quando o fenótipo de uma população segregante é muito superior ao valor médio dos genitores (Ibrahim & Quick, 2001), e em muitos casos ultrapassando o genitor de desempenho superior. O autor ainda destaca que isto surge de contribuições de genes complementares de ambos os genitores, sendo rotineiramente explorado no melhoramento de plantas através da seleção de indivíduos superiores.

Por outro lado, foi possível obter variabilidade genética em cruzamentos envolvendo genitores com médias semelhantes, como observado nos CR2 e CR3, do caráter PP. Isto se deve provavelmente, em virtude dos genes controlando o caráter estarem distribuídos de forma complementar entre os genitores, ou seja, apresentam locos distintos entre ambos os genitores, o que por ocasião do cruzamento possibilita acúmulo de alelos favoráveis nas progênies.

O efeito heterótico positivo de grande destaque no CR1 é um indicativo da presença de elevado número de alelos dominantes nos locos em

heterozigose na geração F_1 , fato que resultou em maior perda de vigor para PG P^{-1} , NP P^{-1} e PP na geração F_2 . Cruzamentos que revelem heterose em F_1 , acompanhada de perda de vigor (PV) em F_2 , podem resultar no maior número de classes genóticas para seleção, sendo estas informações extremamente úteis ao melhorista, principalmente por auxiliar na determinação da intensidade da seleção e do momento mais apropriado para sua realização (Allard, 1999).

A pequena participação da σ_E^2 se deve às reduzidas variâncias das gerações fixas (P_1 , P_2 e F_1) observadas neste estudo. Este parâmetro é de grande importância, segundo Falconer (1981), a variância causada pelo ambiente não pode ser removida, pois representa, por definição, toda a variância não genética, e grande parte desta está fora de controle experimental. Portanto, pode ser inferido neste trabalho, em todos os cruzamentos realizados, a maior participação da variância genética na formação da variância total (fenotípica).

Entretanto pode ser encontrada magnitude reduzida de σ_G^2 no caráter PG P^{-1} , sendo observado a menor estimativa de h^2a (58,63%) na média dos cruzamentos avaliados, dentre os caracteres avaliados. Deste modo, a maior eficiência de seleção somente é obtida em gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, conseqüente da autofecundação, propicia um aumento da herdabilidade no sentido restrito (Falconer e Mackay, 1997). Por outro lado, o devido ajuste ao ambiente pode proporcionar maior êxito nos valores encontrados de h^2a , uma vez que o fator ambiente neste caso, têm grande participação.

A σ_G^2 é o resultado do somatório das σ_A^2 , σ_D^2 e ainda de epistasia, porém, no trabalho, as σ_A^2 foram as que possibilitaram as maiores contribuições para σ_G^2 dos caracteres, observado na maioria dos cruzamentos, sendo de grande utilidade ao melhorista, em virtude de ser o único efeito genético rapidamente fixável ao longo das sucessivas gerações de autofecundação.

A maior participação da σ_A^2 para PG P⁻¹ foi observada no CR1, indicando a presença de alelos similares entre os genitores, incrementando a magnitude do componente aditivo (Saleem et al. 2005). Desta forma, possibilita grande êxito no processo de seleção, devido à maior h^2r (53,08%). Por outro lado, a elevada σ_A^2 não indica que o caráter está sob influência somente da ação gênica de aditividade, ou seja, que os genes agem aditivamente, sem dominância e epistasia. A σ_A^2 pode provir de genes com qualquer grau de dominância ou epistasia, e somente se toda a σ_G^2 for aditiva, será possível concluir que não haverá dominância, nem epistasia.

A elevada σ_G^2 encontrada no CR3 para PG P⁻¹, pode ser explicada pela distância genética entre esses genitores. Lorencetti (2004), no estudo de distância morfológica desses genótipos, verificou estarem formando grupos distintos, possibilitando inferir sobre a presença de maior variabilidade genética quando empregado em combinações na formação de populações de seleção. Este resultado certamente proporcionará valor elevado de h^2a , em virtude da maior σ_G^2 encontrada neste cruzamento. Por outro lado, evidencia dificuldades ao melhorista na eficiência de seleção em gerações iniciais, devido à maior

participação da σ_D^2 na σ_G^2 do caráter. Corroborando com os valores mais reduzidos de herdabilidade no sentido restrito (h^2_r), resultado da reduzida participação de genes de efeito aditivo no caráter. Conforme destaca Fehr (1987), reduzidos coeficientes de h^2_r podem estar associados com menor variância genética aditiva, maior variação de ambiente e maior interação genótipo e ambiente.

Falconer (1981) destaca ter a herdabilidade um papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético, de tal forma que quanto maior a herdabilidade maior o ganho genético por seleção. Neste sentido, o CR3 evidenciou maior destaque para NP P⁻¹, com maior h^2_r , podendo favorecer em maiores ganhos na seleção, em virtude da grande participação da σ_A^2 na σ_G^2 , com mais de 70%, sendo, portanto prioridade na seleção indireta ao caráter PG P⁻¹. Conforme estudos recentes, o caráter NP P⁻¹ possui elevada correlação positiva com PG P⁻¹ (Lorencetti et al., 2004 e Benin et al., 2005). Além disto, a efetividade da seleção indireta é aumentada quando o caráter secundário tem uma herdabilidade maior que o caráter primário (Fehr, 1987), conforme evidenciado no trabalho, com os valores de 48,92% e 29,64% de herdabilidade, respectivamente para NP P⁻¹ e PG P⁻¹, no CR3.

Para o caráter PP, foi verificado no CR5 a grande participação da σ_A^2 na σ_G^2 do caráter, com valor negativo de σ_D^2 . Segundo Silva (2002), este resultado pode ser de responsabilidade das estimativas com base em populações distintas, visto que para a σ_G^2 estão participando as gerações dos genitores e

F_1 , enquanto que para o cálculo da σ_A^2 , foram incluídas as gerações de retrocruzamento. Por outro lado, Carvalho et al. (2002) destacam a necessidade de corrigir este resultado, uma vez que a simples subtração da variância aditiva da variância genética para obter a variância de dominância pode induzir a um erro, expressando valores negativos para a ação de dominância devido a superestimativa da aditividade. Neste sentido, mesmo com a utilização dos valores corrigidos, o CR5 se destaca junto ao CR4, pela superioridade da σ_A^2 frente à σ_D^2 para o carácter PP.

Conforme verificado no ajuste de modelos para os três caracteres em estudo, pode ser observado que, em alguns casos, o efeito aditivo não foi significativo, o que é, segundo Mather & Jinks (1982), explicável, por ser devido aos efeitos de aditividade representarem o somatório dos efeitos aditivos dos genes individuais, e como podem assumir valores positivos ou negativos, a estimativa dos efeitos pode não ser significativa, mesmo quando cada um dos genes envolvidos, individualmente mostre acentuada aditividade, mas em sentidos opostos, cancelando mutuamente os seus efeitos.

A dificuldade na exploração do carácter PG P^{-1} em gerações iniciais pode ser destacado neste estudo, quando verificado os efeitos epistáticos dos cinco cruzamentos testados, onde pode ser evidenciado em relação à magnitude destes, principalmente quando foram ambos significativos. O efeito epistático “a x a” sempre aparece inferior a uma ou as duas interações (“a x d” ou “d x d”), podendo acarretar em maiores dificuldades ao melhorista de espécies autógamias, onde se espera que a magnitude da interação “a x a” seja maior que “a x d” e “d x d”, onde teoricamente em uma direção linear pode ser um

componente fixável da variação genética, facilmente explorado para determinados caracteres através de simples hibridações e processos de seleção.

As epistasias do tipo “a x d” e “d x d”, não são direcionais e não são fixadas através de autofecundações de espécies autógamas e desta forma, não seriam favoráveis para o desenvolvimento de linhas puras para PG P⁻¹; entretanto, podem ser interessante no desenvolvimento de híbridos (Saleem et al., 2005).

A ocorrência de pelo menos um dos tipos de epistasia nos cinco cruzamentos avaliados para PG P⁻¹, destaca a importância de se utilizar o modelo completo nas análises de caracteres de herança complexa. Por outro lado, no melhoramento de espécies autógamas as técnicas que se beneficiam de elevada σ_A^2 e da interação “a x a” são as mais importantes na obtenção de ganhos genéticos. Conforme verificado neste trabalho, para o caráter PG P⁻¹, os efeitos “a” e “a x a” foram significativos em todos os cruzamentos, com exceção do CR5, com destaque para os CR1 e CR4 por apresentar apenas a interação “a x a” como o efeito epistático significativo, podendo alcançar maiores ganhos na seleção.

Mesmo apresentando reduzida participação de efeitos epistáticos no controle do caráter PG P⁻¹ para CR1 e CR4, o resultado não deve ser desconsiderado, mesmo que o efeito epistático de influência nestes cruzamentos seja “a x a”, destacando a grande importância da análise de um modelo completo aditivo-dominante-epistático, em caracteres quantitativos. Conforme Gravina, (2004), as interações gênicas entre genes não alélicos ou

epistáticos não podem ser desconsideradas nos mecanismos genéticos básicos. Para Cockerham (1954), modelos genéticos que negligenciam as epistasias podem estar de alguma maneira viesados. Por outro lado, as estimativas obtidas com os resultados da análise de parâmetros genéticos só são válidas para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostras, e neste sentido para as condições de ambiente em que o estudo foi conduzido (Morais, 1997).

A discrepância encontrada na significância dos efeitos epistáticos para os caracteres NP P⁻¹ e PP nos diferentes cruzamentos, revela que o resultado pode ter influência direta do ambiente. Isto é enfatizado quando apenas um ambiente é estudado, onde a interação genótipo x ambiente pode ter alguma influência no efeito epistático. Conforme destaca Saleem et al. (2005), a presença ou ausência de epistasia pode ser dependente do ambiente no qual o experimento foi conduzido, e desta forma, isto pode não estar sempre relacionado com a capacidade de herança do genótipo.

Conforme verificado para o caráter NP P⁻¹, nos CR3 e CR5, onde não houve a presença das interações epistáticas significativas, as interpretações devem ser feitas com cautela, em virtude de apresentarem discrepância no sinal e significância do efeito de dominância, pois o efeito “d” significativo e negativo (CR3) está em reduzir o caráter, não sendo, portanto, prioridade em programas de melhoramento, mesmo que o modelo de três parâmetros seja suficiente para explicar as variações para o controle genético deste caráter. Neste sentido, o CR5 parece ser de maior importância, em virtude do efeito “d” não ser significativo, mesmo que o cruzamento apresente a maior participação

da σ_D^2 na σ_G^2 do caráter. Este fato se deve aos testes de variância e efeitos gênicos utilizarem diferentes informações, devendo, assim, serem interpretados de maneira complementar, portanto não devem ser confundidos.

O CR1 evidencia a maior dificuldade para a seleção do caráter PP em gerações iniciais, devido à maior complexidade dos efeitos gênicos que influenciam o caráter neste cruzamento. Para os outros cruzamentos, pode ser verificado maior progresso na seleção em gerações iniciais, em virtude de não apresentar nenhum efeito epistático significativo, sendo dado maior destaque para o CR4, pela maior participação do efeito aditivo do que o efeito de dominância no controle genético do caráter.

Conforme verificado neste estudo, para o caráter PG P^{-1} , os cruzamentos de maior complexidade, em virtude da presença das interações não alélicas, foram os CR3 e CR5, com as três interações epistáticas significativas (“a x a”, “a x d” e “d x d”). Diversos autores destacam prevalecer a epistasia no efeito gênico de caracteres quantitativos em diversas populações (Falconer, 1981; Mather & Jinks, 1982; Allard, 1988). Resultados recentes na literatura revelam a grande participação de epistasia do tipo “a x d” e “d x d” no controle genético do caráter PG P^{-1} (Saleem et al., 2005).

Desta forma, conforme evidenciado neste trabalho para os caracteres em estudo, a presença de interações epistáticas significativas foi determinante no conhecimento dos efeitos gênicos envolvidos em cada cruzamento, devendo, portanto, serem conduzidos com maior atenção em gerações segregantes.

Referências bibliográficas

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley, 1999. 485p.

ALLARD, R.W. Future directions in plant populations genetics, evolution and breeding, p.1-19, 1988 in **Plant Population Genetics and Germplasm Resources**, ed. By A.H.D. BROWN, M.T. CLEGG, A.L. KAHLER and B.S. WEIR. Sinauter Associates Inc., Sunderland, M.A.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M.; VIEIRA, E.A.; VALERIO, I.P.; SILVA, J.A.G. Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**, v.35, n.3, p.523-529, 2005.

CARVALHO, F.I.F.; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; MARCHIORO, V.S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Editora e Gráfica Universitária – UFPel, Pelotas, 2001.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance mong relatives when epistasis is present. **Genetics**, Bethesda, v.39, p.859-882, 1954.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F. Parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. **Ciência Rural**, v.29, n.1, p.1-6, 1999.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**, Ed. 2 Longman Press, New York, 1981.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**, 4 ed. Londres: Longman Group. 1997, 464p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivars development**. New York: Macmillan, 1987, 536p.

FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. In: Hill, W. G. (Ed.). **Quantitative genetics**. Part I. Explanation and analysis of continuous variation. New York: Van Nostrand Reinhold, 1984. p.58-92.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Washington, v.22, p.439-452, 1966.

GRAVINA, G.A.; MARTINS FILHO, S.; SEDIYAMA, C.S.; CRUZ, C.D. Parâmetros genéticos da resistência da soja a *Cercospora sojina*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**., Brasília, v.39, n.7, p.653-659. 2004.

IBRAHIM, A.M.H.; QUICK, J.S. Heritability of heat tolerance in winter and spring wheat. **Crop Science**. Madison, v.41, p.1401-1405, 2001.

LORENCETTI, C. **Capacidade combinatória de genitores e suas implicações no desenvolvimento de progênes superiores em aveia (*Avena sativa* L.)**. Pelotas, 2004. 102p. Tese (Doutorado em Agronomia), Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, UFPel, 2004.

MATZINGER, D. F.; MANNAND, T. J. & COCKERHAM, C. C. Diallel cross in *Nicotiana tabacum*. **Crop Science**, v.2, p.238-286, 1962.

MATHER, K. & JINKS, J.L. **Biometrical genetics**. London: Chapman and Hall, 1982. 396p.

MISRA, S.C.; RAO, V.S.; DIXIT, R.N.; SURVE, V.D.; PATIL, V.P. Genetic control of yield and its components in breadwheat. **Indian Journal of Genetics**, v.54, p.77-82, 1994.

MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F. Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.4, p.421-433. 1997.

NOVOSELOVIC, D.; BARIC, M.; DREZNER, G.; GUNJACA, J.; LALIC, A. Quantitative inheritance of some wheat plant traits. **Genetics and Molecular Biology**, v.27, n.1, p.92-98, 2004.

SALEEM, M.Y.; ATTA, B.M.; CHEEMA, A.A.; MUKHTAR, Z.; HAQ, M.A. Detection of epistasis and estimation of additive and dominance components of genetic variation using triple test cross analysis in rice (*Oryza sativa* L.). **Caderno de Pesquisa Sér. Bio.**, Santa Cruz do Sul, v.17, n.1, p.37-50. 2005.

SILVA, S.A. **Caráter “stay-green” como uma estratégia de rendimento e qualidade de sementes de trigo**, 2002, 110f. Tese (Doutorado em Ciências – Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologia de Sementes) – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

SINGH, R.P.; SINGH, S. Estimation of genetic parameters through generation mean analysis in breadwheat. **Indian Journal of Genetics**, v.52, p.369-375, 1992.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: KERR, W.E. (Org.) **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramento, 1969. p.17-38.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.**

Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 1992. 496p.

Tabela 1. Médias e variâncias das gerações P₁, RC₁F₁, F₁, F₂, RC₂F₁ e P₂ para três caracteres, em cinco cruzamentos⁽⁺⁾ de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

Cruzamento		Produção de grãos por planta (PG P ⁻¹)					
		P ₁	RC ₁ F ₁	F ₁	F ₂	RC ₂ F ₁	P ₂
CR1	média	16,43	23,16	30,78	20,09	21,82	11,43
	variância	5,53	10,36	4,56	14,16	10,44	5,97
CR2	média	16,19	23,44	21,25	16,46	23,25	13,63
	variância	7,04	11,67	4,63	12,27	9,84	6,32
CR3	média	16,55	21,88	16,92	15,52	15,48	12,66
	variância	6,42	15,73	3,45	17,16	13,50	5,07
CR4	média	11,13	12,39	13,85	12,34	14,92	13,65
	variância	5,34	9,68	4,94	10,58	7,75	5,30
CR5	Média	10,91	7,73	13,21	12,44	11,27	11,53
	variância	5,13	5,53	4,32	9,40	9,27	4,65
Cruzamento		Número de panículas por planta (NP P ⁻¹)					
		P ₁	RC ₁ F ₁	F ₁	F ₂	RC ₂ F ₁	P ₂
CR1	média	10,78	10,94	8,76	7,63	8,66	5,93
	variância	3,26	7,27	1,69	8,53	7,53	2,82
CR2	média	10,92	9,77	8,42	7,57	11,83	10,88
	variância	3,83	6,30	2,25	7,36	6,69	3,20
CR3	média	10,64	8,23	6,66	6,69	6,25	7,12
	variância	1,32	3,19	1,73	5,24	4,73	1,79
CR4	média	5,89	5,66	6,10	5,34	7,15	10,20
	variância	2,32	3,47	1,58	5,10	4,71	2,11
CR5	média	4,70	4,57	4,96	5,31	4,88	6,07
	variância	1,32	3,25	1,22	3,32	2,92	1,62
Cruzamento		Peso de panícula por planta (PP)					
		P ₁	RC ₁ F ₁	F ₁	F ₂	RC ₂ F ₁	P ₂
CR1	média	3,31	4,92	7,07	5,55	4,95	4,44
	variância	0,48	1,58	0,88	2,43	1,96	0,44
CR2*	média	3,26	4,66	5,00	4,52	5,00	3,00
	variância	0,36	1,17	0,44	1,62	1,27	0,52
CR3*	média	2,98	4,75	4,58	4,58	4,23	3,74
	variância	0,50	1,34	0,50	1,81	1,73	0,41
CR4	média	5,27	6,21	5,60	5,24	4,28	3,05
	variância	0,64	1,36	0,61	2,63	2,20	0,36
CR5	média	4,43	5,73	5,64	4,75	4,66	3,29
	variância	0,75	1,09	0,53	1,99	1,17	0,81

* Não foi encontrado diferença significativa entre as médias dos genitores, através do teste t, ao nível de 5% de probabilidade de erro.

⁽⁺⁾ CR1 (UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / URPEL 15), CR4 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR5 (UPF 18 / UFRGS 17).

Tabela 2. Estimativas da heterose (H) e perda de vigor (PV) para três caracteres, avaliados em cinco cruzamentos⁽⁺⁾ em aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

		Produção de grãos por planta (PG P ⁻¹)				
Parâmetros	CR1	CR2	CR3	CR4	CR5	
Heterose	120,96	42,52	15,89	11,78	17,73	
PV	34,73	22,54	8,27	10,90	5,82	
		Número de panículas por planta (NP P ⁻¹)				
Parâmetros	CR1	CR2	CR3	CR4	CR5	
Heterose	4,91	-22,75	-25	-24,12	-7,80	
PV	12,89	10,09	-0,45	12,45	-7,05	
		Peso de panícula por planta (PP)				
Parâmetros	CR1	CR2	CR3	CR4	CR5	
Heterose	82,68	59,74	36,30	34,61	46,11	
PV	21,49	9,6	0	6,42	15,78	

⁽⁺⁾ CR1 (UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / URPEL 15), CR4 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR5 (UPF 18 / UFRGS 17).

Tabela 3. Estimativas das variâncias fenotípica (σ_P^2), genética (σ_G^2), ambiente (σ_E^2), aditiva (σ_A^2), dominância (σ_D^2) e de herdabilidade no sentido amplo (h^2a) e restrito (h^2r) para três caracteres, em cinco cruzamentos⁽⁺⁾ de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

Cruzamento	σ_P^2	σ_G^2	σ_E^2	σ_A^2	σ_D^2	h^2a	h^2r
Produção de grãos por planta (PG P ⁻¹)							
CR1	14,16	9,00	5,15	7,51	1,48	63,58	53,08
CR2	12,27	6,61	5,65	3,04	3,57	53,90	24,78
CR3	17,16	12,56	4,60	5,08	7,47	73,18	29,64
CR4	10,58	5,45	5,13	3,73	1,72	51,52	35,28
CR5	9,40	4,79	4,60	3,99	0,79	50,99	42,49
Número de panículas por planta (NP P ⁻¹)							
CR1	8,53	6,17	2,36	2,26	3,90	72,25	26,52
CR2	7,36	4,48	2,88	1,73	2,74	60,82	23,54
CR3	5,24	3,60	1,64	2,56	1,03	68,62	48,92
CR4	5,10	3,20	1,90	2,01	1,18	62,78	39,50
CR5	3,32	1,97	1,34	0,46	1,51	59,48	13,90
Peso de panícula por planta (PP)							
CR1	2,43	1,76	0,67	1,32	0,43	72,27	54,46
CR2	1,62	1,17	0,44	0,79	0,38	72,61	49,03
CR3	1,81	1,33	0,48	0,55	0,77	73,35	30,53
CR4	2,63	2,06	0,56	1,69	0,37	78,63	64,38
CR5	4,19	3,54	0,65	1,72	1,82	84,48	41,05

⁽⁺⁾ CR1 (UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / URPEL 15), CR4 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR5 (UPF 18 / UFRGS 17).

Tabela 4. Estimativa dos parâmetros genéticos, para o modelo simples (aditivo-dominante) e para o modelo completo (aditivo-dominante-epistático), ajustado com base na média dos caracteres avaliados, em seis gerações de aveia (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁F₁ e RC₂F₂) obtidos em cinco cruzamentos⁽⁺⁾ de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

Produção de grãos por planta (PG P ⁻¹)					
Parâmetros ⁽¹⁾	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽⁶⁾	CR3 ⁽⁶⁾	CR4 ⁽⁶⁾	CR5 ⁽⁶⁾
m	4,34 ^{ns}	-12,60**	1,98 ^{ns}	7,08**	22,96**
a	2,50**	1,25*	1,94**	-1,21**	-0,30 ^{ns}
d	36,56**	83,42**	39,22**	14,25*	-32,34**
aa	9,58**	27,54**	12,63**	5,26*	-11,73**
ad	-2,30 ^{ns}	-2,13 ^{ns}	8,90*	-2,63 ^{ns}	-6,46*
dd	-10,12 ^{ns}	-48,56**	-24,28**	-7,78 ^{ns}	22,59**
Número de panículas por planta (NP P ⁻¹)					
Parâmetros	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽⁶⁾	CR3 ⁽³⁾	CR4 ⁽⁶⁾	CR5 ⁽³⁾
m	-0,33 ^{ns}	-2,01 ^{ns}	8,60**	3,77*	5,37**
a	2,42**	0,02 ^{ns}	1,77**	-2,15**	-0,66**
d	22,77**	27,91**	-2,78*	3,93 ^{ns}	-0,43 ^{ns}
aa	8,69**	12,91**	-	4,27*	-
ad	-0,28 ^{ns}	-4,15 ^{ns}	-	1,33 ^{ns}	-
dd	-13,67*	-17,47**	-	-1,60 ^{ns}	-
Peso de panícula por planta (PP)					
Parâmetros	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽³⁾	CR3 ⁽³⁾	CR4 ⁽³⁾	CR5 ⁽³⁾
m	6,33**	3,26**	3,53**	4,26**	3,91**
a	-0,56**	0,13 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	1,19**	0,61*
d	-3,88 ^{ns}	2,05**	1,51*	1,62**	1,82**
aa	-2,46*	-	-	-	-
ad	1,06 ^{ns}	-	-	-	-
dd	4,61*	-	-	-	-

⁽¹⁾m: médias das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: média dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante. ^{ns}Não-significativo. * e ** Significativa a 5% e a 1% de probabilidade, respectivamente.

⁽³⁾ Modelo aditivo-dominante

⁽⁶⁾ Modelo aditivo-dominante-completo.

⁽⁺⁾ CR1 (UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / URPEL 15), CR4 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR5 (UPF 18 / UFRGS 17).

Tabela 5. Contribuição relativa dos parâmetros (“m”, “a”, “d”, “aa”, “ad” e “dd”), para o modelo simples e completo, baseado na média dos caracteres avaliados, em seis gerações de aveia (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁F₁ e RC₂F₂) obtidos em cinco cruzamentos⁽⁺⁾ de aveia. CGF/FAEM UFPel, Pelotas, 2006.

Produção de grãos por planta (PG P ⁻¹)					
FV ⁽¹⁾	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽⁶⁾	CR3 ⁽⁶⁾	CR4 ⁽⁶⁾	CR5 ⁽⁶⁾
m/a, d, aa, ad, dd	3,14	6,37	0,45	26,57	50,51
a/m, d, aa, ad, dd	47,79	4,21	29,92	31,21	0,73
d/m, a, aa, ad, dd	27,65	32,66	21,65	13,97	13,73
aa/m, a, d, ad, dd	15,65	30,88	18,46	15,04	13,36
ad/m, a, d, aa, dd	1,02	0,20	10,51	4,55	5,79
dd/m, a, d, aa, ad	4,72	25,65	18,99	8,63	15,86
Número de panículas por planta (NP P ⁻¹)					
FV ⁽¹⁾	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽⁶⁾	CR3 ⁽³⁾	CR4 ⁽⁶⁾	CR5 ⁽³⁾
m/a, d, aa, ad, dd	0,02	1,19	93,87	5,82	98,41
a/m, d, aa, ad, dd	64,07	0,01	3,68	84,89	1,40
d/m, a, aa, ad, dd	11,85	25,31	2,43	0,82	0,18
aa/m, a, d, ad, dd	14,31	45,87	-	7,61	-
ad/m, a, d, aa, dd	0,01	5,16	-	0,93	-
dd/m, a, d, aa, ad	9,71	22,54	-	0,31	-
Peso de panícula por planta (PP)					
FV ⁽¹⁾	CR1 ⁽⁶⁾	CR2 ⁽³⁾	CR3 ⁽³⁾	CR4 ⁽³⁾	CR5 ⁽³⁾
m/a, d, aa, ad, dd	47,12	90,06	94,97	90,17	91,63
a/m, d, aa, ad, dd	34,99	0,14	0,61	6,72	2,12
d/m, a, aa, ad, dd	2,20	9,79	4,41	3,10	6,23
aa/m, a, d, ad, dd	7,19	-	-	-	-
ad/m, a, d, aa, dd	1,61	-	-	-	-
dd/m, a, d, aa, ad	6,88	-	-	-	-

⁽¹⁾m: médias das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: média dos desvios da dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante

⁽³⁾ Modelo aditivo-dominante

⁽⁶⁾ Modelo aditivo-dominante-completo.

⁽⁺⁾ CR1 (UPF 16 / UPF 18), CR2 (UPF 16 / UFRGS 7), CR3 (UPF 16 / URPEL 15), CR4 (UPF 18 / UFRGS 7) e CR5 (UPF 18 / UFRGS 17).

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados indicam a estabilidade dos efeitos de CGC dos genótipos avaliados, não sofrendo influência da geração ou do ano de avaliação quanto ao referido efeito de combinação, permitindo aceitar a hipótese de que são interpretações conclusivas, por meio de um único ambiente. Neste sentido, pode ser destacado o grande desempenho de CGC dos genótipos UPF 16 e UFRGS 7 para os caracteres $PG P^{-1}$ e $NP P^{-1}$, o que revela a existência de um elevado potencial genético na transferência de alelos favoráveis para suas progênies, agregando desta forma, progresso nos caracteres existentes, nas populações segregantes.

Além disto, há evidência da grande dependência da geração e do ano de cultivo para estimativa da estabilidade dos efeitos de CEC, corroborando desta forma com a hipótese da necessidade em ser implementada uma análise dialélica que permita gerar inferências sobre os efeitos da interação associada a um índice de estabilidade. A presença das interações epistáticas significativas evidenciadas na análise das populações para os seis parâmetros,

ressalta a necessidade do conhecimento dos efeitos gênicos envolvidos em cada cruzamento, ou seja, atuando de forma direta na expressão do fenótipo.

Os dados do cruzamento UPF 16 / UPF 18 revelam o melhor desempenho de CEC para todos caracteres avaliados, contudo não evidenciam o mesmo comportamento na estabilidade dos efeitos. Neste sentido, com base em mais de um parâmetro de avaliação (somado aos dados de média), pode ser destacado para NG P⁻¹ e NP P⁻¹ o cruzamento UPF 16 / UPF 18, já para PG P⁻¹ e PP, o destaque fica com o UPF 16 / UFRGS 17.

Por outro lado, com o ajuste do modelo de seis e três parâmetros, podem ser destacado, para o caráter PG P⁻¹, os cruzamentos de UPF 16 / UPF 18 e UPF 18 / UFRGS 7, por apresentar apenas a interação “a x a” como o efeito epistático significativo, podendo alcançar maiores ganhos na seleção. Considerando apenas as análises dos efeitos gênicos, pode ser destacado para os caracteres NP P⁻¹ e PP, os cruzamentos UPF 18 / UFRGS 17 e UPF 18 / UFRGS 7, respectivamente, pelo ajuste ao modelo simples de três parâmetros, além de evidenciar menor complexidade nos efeitos gênicos estimados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS ITEM 1

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.; VIEIRA, E.A.; VALÉRIO, I.P.; SILVA, J.A.G. Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.3, p.523-529, 2005.

CAIERÃO, E. **Peso de panícula como estratégia de incremento no rendimento de grãos em aveia, a partir da seleção indireta**. 2000. 60f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Fitomelhoramento)–Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

CARVALHO, F.I.F. Genética quantitativa. In: OSÓRIO, E.A. **Trigo no Brasil**. São Paulo: Fundação Cargil, 1982. v.1, cap.3, p.16-19.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária – UFPel, 2004. 141p.

COCKERHAM, C.C. Effects of linkage on the covariances between relatives. **Genetics**, Bethesda, v.41, p.138-141, 1956.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004, 480p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**, 4 ed. Londres: Longman Group. 1997, 464p.

GARDNER, C. O. e HEBERHATT, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, p. 439-452, 1966.

- HILL, W.G. (Ed.) **Quantitative genetics**. Part I. Explanation and analysis of continuous variation. New York: Van Nostrand Reinhold, 1984. 347p. (Benchmark Papers in Genetics, 15). Apresentação do editor. P.9-10.
- LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; HARTWIG, I.; BENIN, G.; SCHMIDT, D. Aplicability of phenotypic and canonic correlations and path coefficients in the selection os oat genotypes. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.63, n.1, p., 2006.
- PACHECO, C.A.P.; CRUZ, C.D.; SANTOS, M.X. Association between Griffing's diallel and the adaptability and stability analyses of Eberhart and Russell. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.22, n.3, p.451-456, 1999.
- PATEL, J. A.; SHUKLA, M. R.; DOSHI, K.M.; PATEL, B. R.; PATEL, S. A.. Combining ability analysis for green fruit yield and components in Chilli (*Capsicum annuum* L.) **Capsicum and Eggplant Newsletter**, n. 17, p. 34-37, 1998.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271p.
- SINGH, R.P.; SINGH, S. Estimation of genetic parameters through generation mean analysis in breadwheat. **Indian Journal of Genetics**, v.52, p.369-375, 1992.
- STRICKBERGER, M.W. **Genetics**. New lork: Macmillan, 1985. 842p.

VITAE

Igor Pirez Valério, nascido em 17/05/1982 em Rio Grande/RS. Ingressou na Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel" (FAEM), da Universidade Federal de Pelotas (UFPel) em março de 2000. Foi bolsista de iniciação científica (CNPq) durante o período de maio de 2001 a fevereiro de 2004. Neste período participou de um grupo de pesquisa relacionado ao melhoramento de cereais de estação fria, junto ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento, quando participou de vários congressos e reuniões técnicas de pesquisa. Em março de 2005 ingressou no mestrado da mesma área, sob orientação do mesmo professor da iniciação científica, Fernando Irajá Félix de Carvalho (Ph.D). Em abril de 2006, por cumprir os requisitos necessários, progrediu ao nível de doutorado. Ao longo deste período, na qualidade de autoria ou co-autoria publicou cerca de 100 resumos e 20 artigos científicos em periódicos, além de ter participado do desenvolvimento, lançamento e registro de uma cultivar de aveia branca (ALBASUL).