

Viane Rother

**Estratégias de seleção em Aveia Branca (*Avena sativa* L.) visando
componentes de rendimento**

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: Antonio Costa de Oliveira, Ph.D. – FAEM/UFPeI

Coorientador: Luciano Carlos da Maia, Dr. – FAEM/UFPeI

Pelotas, 2017

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

R111e Rother, Vianeí

Estratégias de seleção em aveia branca (*Avena sativa* L.) visando componentes de rendimento. / Vianeí Rother ; Antonio Costa de Oliveira, orientador ; Luciano Carlos da Maia, coorientador. — Pelotas, 2017.

98 f.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2017.

1. Melhoramento genético. 2. Métodos de condução. 3. Ganho de seleção. 4. Distribuição de frequência. 5. Estratégias de seleção. I. Oliveira, Antonio Costa de, orient. II. Maia, Luciano Carlos da, coorient. III. Título.

CDD : 633.13

Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842

Banca Examinadora:

Antonio Costa de Oliveira, Ph.D. - Dep. de Fitotecnia, FAEM/UFPeI

Maicon Nardino, Dr. – Pós-Doutorado – IFM/UFPeI

Ariano Martins de Magalhães Júnior – Dr. Embrapa Clima Temperado Pelotas/RS

Fabiana Raquel Mühl -Dra. Professora de Melhoramento genético – FAI

FACULDADES

Dedico

A minha família, pelo amor, carinho e apoio incondicional.

***“Tentar não significa conseguir. Mas,
certamente, todos os que conseguiram
tentaram...”***

(Aristóteles)

Agradecimentos

Agradeço primeiramente a Deus pela saúde e sabedoria.

Agradeço aos meus pais, Hélio e Angelita, pelo amor e apoio incondicional em todos os momentos. Pelo grande exemplo que sempre foram para mim e pela educação que me proporcionaram, sou muito grato. Ao meu irmão, Leonei, pelo companheirismo e amizade.

Agradeço a minha namorada Marciane pelo amor, companheirismo, paciência e apoio em todos os momentos. Sem você o caminho certamente não teria o mesmo brilho. Te amo.

Agradeço a Fai faculdades pelos momentos de aprendizado, principalmente aos professores que sempre me incentivaram e apoiaram nos meus objetivos.

Agradeço de forma especial ao professor e orientador Antonio Costa de Oliveira pela confiança em mim depositada e apoio nessa caminhada. Da mesma forma professores Luciano e Camila que contribuíram muito para o meu aprendizado.

Agradeço aos meus colegas que de forma calorosa me receberam no Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pelo conhecimento compartilhado, discussões, conversas, brincadeiras e companheirismo. Aos meus amigos de longa data e aos novos amigos que aqui eu conheci meu muito obrigado.

Agradeço as colegas Maraisa e Solange que iniciaram este trabalho.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram na minha evolução pessoal e profissional, meu muito obrigado.

Resumo

ROTHER, Vianeí. **Estratégias de seleção em aveia branca (*Avena sativa* L.) visando componentes de rendimento**. 2017. 98f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas – RS, 2017.

A aveia branca é um cereal de grande importância para a agricultura brasileira, com destaque em algumas regiões onde a cultura é parte fundamental dos sistemas produtivos. Dentre as inúmeras utilizações do cereal, vem ganhando destaque o seu uso na alimentação humana. Devido às suas características nutricionais o cereal é qualificado como alimento funcional, auxiliando na prevenção de doenças e o seu consumo é indicado por vários órgãos de saúde. Os programas de melhoramento genético de plantas possuem o desafio de fornecer aos produtores e indústria beneficiadora genótipos que tenham bom desempenho produtivo aliado a boas características nutricionais. Dessa forma, cada programa deve definir e estabelecer estratégias de seleção que atendam os seus objetivos a um custo baixo e num curto período de tempo. Dentre os métodos de condução de populações segregantes se destaca o SSD (*Single Seed Descent*) que, entre suas vantagens, possibilita ao melhorista a manutenção da variabilidade total da população em gerações avançadas e a possibilidade de avanço de mais de uma geração por ano. Assim como em outros métodos, o SSD é executado por alguns programas com alterações. Estas visam aumentar a variabilidade genética da população segregante por meio da condução de mais sementes a partir de uma planta F₂. Este trabalho teve por objetivo avaliar famílias F₆ oriundas de dois cruzamentos de aveia branca (Albasul x UPF 15 e IAC 7 x UFRGS 19) conduzidas sob os métodos de condução: SSD Clássico e SSD Modificado. O experimento foi conduzido no município de Capão do Leão – RS, no ano de 2016. Foram avaliadas 30 famílias de cada cruzamento conduzidas no método SSD clássico e 120 famílias de cada cruzamento conduzidas no método SSD modificado. Foi possível observar que o método SSD Modificado proporciona uma maior amplitude entre os valores mínimos e máximos para a maioria dos caracteres avaliados. A elevação do teto produtivo não resultou, no entanto, em um aumento expressivo nas médias das famílias. O método SSD Modificado apresenta um maior efeito não aditivo atuando entre e dentro das famílias, afetando negativamente a herdabilidade no sentido restrito. Nas famílias oriundas do cruzamento Albasul x UPF 15 os ganhos de seleção foram superiores naquelas conduzidas no método SSD. No cruzamento IAC 7 x UFRGS 19 o método SSD também obteve desempenho superior nos ganhos de seleção com exceção nos caracteres estatura de planta e massa de grãos da panícula principal. Quando são analisadas as médias das famílias selecionadas na pressão de seleção de 10% e 20% há uma semelhança entre os dois métodos de condução. Destaca-se o método SSD Modificado que engloba um número maior de genótipos com bom desempenho agrônômico e que agregam desempenho destacado para vários caracteres de interesse. Dessa forma as modificações efetuadas no método SSD foram benéficas para o programa de melhoramento e

possibilitaram a identificação de um maior número de genótipos transgressivos com o mesmo número de plantas F₂.

Palavras-chave: melhoramento genético, métodos de condução, ganho de seleção, distribuição de frequência, estratégias de seleção.

Abstract

ROTHER, Vianeí. **Selection strategies in white oats (*Avena sativa* L.) for yield components.** 2017. 98f. Dissertation (Master of Science) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2017.

The white oat is a cereal of great importance for Brazilian agriculture, with emphasis in some regions where the culture is the fundamental part of productive systems. Among the innumerable uses of the cereal has been emphasized in the human food. Due to the nutritional characteristics the cereal is qualified as functional food, aiding in the prevention of diseases and its consumption is indicated by several health organs. The genetic breeding programs have the challenge of providing genotypes to the producers and the processing industry with good productive characteristics, together with good nutritional characteristics. In this way each program must define and establish selection strategies that meet its objectives at a low cost and in a short period of time. Among the methods of conducting segregating populations, SSD stands out, which among its advantages enables the breeder to maintain the total population variability in advanced generations and the possibility of advancement of more than one generation per year. Like other methods the SSD is run by some programs with changes. These aim to increase the genetic variability of the segregating population by conducting more seeds from an F₂ plant. The objective of this work was to evaluate F₆ families from two white oat crosses (Albasul x UPF 15 and IAC 7 x UFRGS 19) conducted under the conduction methods: Classic SSD and Modified SSD. The experiment was conducted in the county of Capão do Leão – RS, in the year of 2016. Was evaluated 30 families of each crosses conducted in the classic SSD method and 120 families in each cross conducted in the modified SSD method. It was possible to observed that the modified SSD method provides a greater range between minimum and maximum values for most of the evaluated characters. The Modified SSD method has a greater non-additive effect acting between and within families, negatively affecting heritability in the narrow sense. In the families from the Albasul x UPF 15 cross the selection gains were higher in the families conducted in the SSD method. At the IAC 7 x UFRGS 19 cross the SSD method also obtained superior performance in the selection gains with exception in the characters plant height and grain mass of the main panicle. When the means of the families selected at the selection pressure of 10% and 20% are analyzed, there is a similarity between the two methods of conduction. We highlight the Modified SSD method that encompasses a larger number of genotypes with good agronomic performance and aggregate highlighted performance to various characters of interest. In this way the modifications made in the SSD method were beneficial to the breeding program and allowed the identification of a greater number of transgressive genotypes with the same crosses.

Keywords: crop breeding, selection environment, panicle weight, grain index, industrial aptitude.

Lista de Figuras

CAPÍTULO II - ESTUDO DA SEGREGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM FAMÍLIAS F6 DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO

- Figura 1.1** Esquema ilustrativo das etapas de condução do experimento pelo método SSD clássico e modificado para os cruzamentos C1 = Albasul x UPF 15 e C2 = IAC 7 x UFRGS 19.....39
- Figura 1.2** Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter estatura de planta (EST, em centímetros), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017..... 44
- Figura 1.3** Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter panículas por planta (PP, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017..... 45
- Figura 1.4** Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter grãos da panícula principal (GPP, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017..... 47
- Figura 1.5** Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter massa de grãos da panícula principal (MGPP, em gramas), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017.....49
- Figura 1.6** Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter número total de grãos (NTG, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 planta: A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017.....51

Figura 1.7 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter massa total (MTG, em gramas), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; B1 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPel, 2017.....53

Lista de Tabelas

CAPÍTULO II - ESTUDO DA SEGREGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM FAMÍLIAS F6 DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO

Tabela 1.1 Análise estatística descritiva para os caracteres agronômicos de aveia branca de famílias F ₆ oriundas do cruzamento Albasul x UPF 15 (C1). Pelotas - RS, 2017.....	41
Tabela 1.2 Análise estatística descritiva para os caracteres agronômicos de aveia branca de famílias F ₆ oriundas do cruzamento IAC7 x UFRGS 19 (C2). Pelotas - RS, 2017.....	43
Tabela 1.3 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agronômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidas no método SSD Clássico. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.....	55
Tabela 1.4 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agronômica em dois cruzamentos de aveia branca, conduzidas no método SSD Clássico. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.....	60
Tabela 1.5 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agronômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidos sob o método SSD modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.....	62
Tabela 1.6 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agronômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidos sob o método SSD modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.....	63

CAPÍTULO III – MÉTODOS ALTERNATIVOS PARA CONDUÇÃO DE FAMÍLIAS SEGREGANTES EM AVEIA BRANCA

Tabela 2.1 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agronômica para os cruzamentos de aveia branca Albasul x UPF 15 e IAC 7 x UFRGS 19 conduzidas no método SSD Clássico e SSD Modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.....	77
---	----

Tabela 2.2 Estimativa do ganho por seleção visando a redução do caráter estatura de plantas (EST) e o incremento nos caracteres panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG), entre famílias F₆ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF 15.....79

Tabela 2.3 Estimativa do ganho por seleção visando a redução do caráter estatura de plantas (EST) e o incremento nos caracteres panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG), entre famílias F₅ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC 7 x UFRGS 19.....81

Tabela 2.4 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 10% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F₅ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF15.....85

Tabela 2.5 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 20% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F₅ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF15.....86

Tabela 2.6 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 10% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F₅ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC GS 19.....88

Tabela 2.7 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 20% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F₅

de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC 7 x UFRGS	
19.....	89

SUMÁRIO

Resumo	7
Abstract	9
Lista de Figuras	10
Lista de Tabelas.....	12
INTRODUÇÃO GERAL	17
CAPÍTULO I – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	19
1.1 Aveia branca: produção e comércio	19
1.2 Classificação e características botânicas	20
1.3 Uso na alimentação humana.....	21
1.4 Melhoramento genético da aveia no brasil	23
1.5 Métodos de condução de populações segregantes	25
1.5.1 Método SSD Clássico.....	25
1.5.2 Método SSD com modificações	26
1.6 Avaliação de populações segregantes de autógamias	27
1.7 Referências bibliográficas (Introdução geral e Revisão Bibliográfica).....	30
CAPÍTULO II – ESTUDO DA SEGREGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM FAMÍLIAS F ₆ DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO	36
2.1 Introdução	36
2.2 Material e métodos.....	37
3.3 Resultados e discussão.....	40
1.4 Conclusão	66
1.5 Referências bibliográficas	67
CAPÍTULO III – MÉTODOS ALTERNATIVOS PARA CONDUÇÃO DE FAMÍLIAS SEGREGANTES EM AVEIA BRANCA	71
3.1 Introdução	71

3.2 Material e métodos.....	72
3.3 Resultados e discussão.....	75
3.4 Conclusão	91
3.5 Referências bibliográficas	92
CONSIDERAÇÕES FINAIS	96

INTRODUÇÃO GERAL

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma gramínea de inverno, pertencente à família Poaceae, que tem o seu cultivo difundido em várias regiões do mundo, devido a sua ampla aptidão e finalidade de usos. O cultivo da aveia não figura entre as principais atividades agrícolas do mundo em área cultivada e volume de grãos, mas exerce função importante em determinadas regiões, onde, o seu cultivo é parte fundamental dos sistemas produtivos agropecuários.

Os avanços no cultivo da aveia branca, principalmente na região Sul e Centro-Oeste do país ocorrem pelas múltiplas possibilidades de uso, desde a utilização como forragem, cobertura de solo, rotação de culturas até o seu uso na alimentação humana (FEDERIZZI et al., 2014; JAMIL et al., 2016). Devido as características nutricionais, qualidade proteica, proporção lipídica e fibras alimentares (SIMIONI et al., 2007), o cereal é considerado um alimento funcional, promovendo benefícios como a diminuição de ocorrência de doenças cardiovasculares, diabetes, colesterol elevado, hipertensão e obesidade. Por estes motivos, o uso na alimentação humana vem crescendo gradativamente (CRESTANI et al., 2010; HAWERROTH et al., 2015). O uso do cereal ganha destaque na dieta de equinos, principalmente cavalos de corrida, também devido a qualidade nutricional do grão (GILISSEN et al., 2016).

A obtenção de novas cultivares com alto potencial produtivo e nutricional, bem como adaptadas para a expansão do cultivo em novas regiões do país, é fundamental para a consolidação da cultura no cenário agrícola. Neste contexto, os programas de melhoramento genético possuem papel fundamental atuando na prospecção de estratégias para facilitar e agilizar a identificação de genótipos que tenham a capacidade de atender os interesses do produtor, indústria e consumidor.

A produtividade de grãos, assim como a maioria das características de interesse, apresenta herança quantitativa, ou seja, é controlada por vários genes, apresentando assim uma baixa herdabilidade e uma dificuldade de seleção, principalmente em gerações precoces (HAWERROTH et al., 2014). Dessa forma, é necessário adotar estratégias que permitam realizar a seleção de genótipos que possuam o máximo de caracteres desejáveis utilizando a herdabilidade associada às correlações genéticas, como forma de auxiliar o melhorista de plantas a maximizar

seus ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos (MARCHIORO et al., 2003).

A existência de variabilidade genética é fundamental para que se obtenha avanços no melhoramento de plantas e nos estudos das gerações segregantes (HARTWIG et al., 2007). O alto nível de melhoramento dos programas tem como consequência o desenvolvimento de constituições genéticas com alto potencial produtivo e com reduzida variabilidade (BERTAN et al., 2004). Para isso, a hibridização artificial entre cultivares comerciais ou linhagens elites é uma importante ferramenta, uma vez que proporciona a recombinação de alelos dos genitores e mantém a variabilidade genética. A hibridização pode ser usada para o estudo de caracteres, usando nesse caso genitores contrastantes para um ou poucos caracteres, ou para obtenção de genótipos superiores, utilizando genótipos elite, com desempenhos similares em caracteres de rendimento, podendo ser complementares em um ou outro caráter. O sucesso do programa de melhoramento é resultado, portanto, da escolha correta dos genitores de acordo com os objetivos do programa (LORENCETTI et al., 2005).

Existem vários métodos de melhoramento de plantas autógamas que podem ser adotados para a condução e seleção de gerações segregantes. Os mais usados são o método massal, genealógico e SSD (*Single Seed Descent*). Contudo, o método de melhoramento que for utilizado deve proporcionar ao melhorista alto ganho genético a um custo reduzido (CARVALHO et al., 2008), podendo ser usadas modificações nos métodos ou a associação entre os métodos afim de aumentar os ganhos e facilitar o estudo de caracteres.

Nesse sentido, buscando complementar os estudos sobre a seleção dos componentes de rendimento, as melhores estratégias e o momento da seleção, o presente trabalho tem por objetivos: 1) Identificar as classes fenotípicas de importância e o sentido de segregação em relação aos genitores; 2) Revelar a contribuição dos parâmetros genéticos e componentes de variância no estudo do controle genético dos caracteres agronômicos; 3) Avaliar qual dos métodos de seleção resulta num maior ganho de seleção e maior quantidade de indivíduos com bons caracteres agronômicos.

CAPÍTULO I – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1 Aveia branca: produção e comércio

A aveia é o sétimo cereal na escala de produção mundial, sendo a Rússia o maior produtor no ano de 2016, seguida pelo Canadá e Austrália, com cerca de 4,53, 3,43 e 1,31 milhões de toneladas, respectivamente. Devido ao aumento na produção neste mesmo ano, o Brasil foi o 4º país em produção, no ranking mundial e o maior produtor na América do Sul (USDA, 2017).

No Brasil, a cultura ocupa o quinto lugar em área cultivada entre os cereais e na safra de 2016 teve uma expansão de 53,8%, alcançando os 291,5 mil hectares e produção estimada de 827,8 mil toneladas (CONAB, 2017). A região Sul concentra grande parte da produção do cereal, com 94,85 % do total produzido no país. O Rio Grande do Sul foi o maior produtor de aveia na safra de 2016 com 218,3 mil hectares semeados e produção de 659,3 mil toneladas. A produtividade também teve relevante aumento na última safra, passando de 1853 kg ha⁻¹ em 2015 para 2840 kg ha⁻¹ em 2016, configurando um aumento de 53,3% (CONAB, 2017).

Apesar do recente aumento, os índices ainda ficam abaixo do potencial genético da cultura, que em alguns trabalhos supera a faixa de 8500 kg ha⁻¹ (GRIFFITHS, 2010), demonstrando assim, que ainda é possível alcançar ganhos quando houver uma interação ideal entre genótipo e ambiente. Em trabalhos realizados em campos experimentais no Brasil a produtividade chega a superar os 8000 kg ha⁻¹. No entanto, é necessário que sejam usadas cultivares elite e proporcionar condições de ambiente adequadas para a cultura (LANGARO et al., 2016).

O baixo custo de implantação e facilidades de manejo tem feito vários produtores optar pelo cultivo da aveia branca, deixando de cultivar outros cereais de inverno. A menor exigência em relação as condições de cultivo, quantidade de nutrientes, variação de pH, assim como um sistema radicular agressivo faz da aveia branca uma boa alternativa para diminuição dos custos de implantação e manutenção das culturas de inverno. Segundo a CONAB (2017), uma boa parte da aveia branca cultivada tem como objetivo a cobertura vegetal do solo. Porém, como no ano de 2016,

a qualidade e produtividade de grãos foi grande, parte dos produtores optou por comercializar os grãos, justificando assim, o expressivo aumento da produção. Além disso, a absorção do produto pela indústria alimentícia tem remunerado satisfatoriamente os produtores do cereal.

Nas regiões em expansão do sistema agrícola, a aveia atua também no incremento de matéria vegetal no solo, além de se encaixar muito bem no sistema de plantio direto. Isto é devido a elevada relação carbono/nitrogênio (C:N), que proporciona uma lenta decomposição e permite uma cobertura do solo por mais tempo (CASTRO et al., 2012; ANTONOW, 2013).

1.2 Classificação e características botânicas

A aveia branca pertence à família *Poaceae*, subfamília *Poideae*, tribo *Avenae* e gênero *Avena*. As espécies do gênero *Avena* possuem um número cromossômico básico igual a 7 e ocorrem em três níveis de ploidia: diplóides ($2n=2x=14$), tetraplóides ($2n=4x=28$) e hexaplóides ($2n=6x=42$) (TAVARES et al., 1993; LEGGETT; THOMAS, 1995).

No grupo hexaplóide, a *A. sativa*, *A. byzantina* e a *A. nuda* são as mais importantes economicamente entre todas as espécies cultivadas (HOLDEN, 1979). Porém, devido ao elevado número de hibridações realizadas, não é possível distingui-las, passando a ser consideradas como *Avena sativa* L. (FEDERIZZI et al., 2014).

A aveia hexaplóide surgiu de forma natural, ocorrendo em duas situações distintas. Primeiramente, com o cruzamento entre duas espécies diplóides, formando um híbrido, que seguido pela duplicação do número de cromossomos, originou uma espécie tetraplóide (AACCC, provavelmente). No segundo momento, ocorreu novo cruzamento natural entre esta espécie e outra diplóide, formando novamente um híbrido, seguido de duplicação cromossômica, formando as espécies que possuem o genoma AACCCDD. Até o presente momento, a origem do genoma DD é indefinida, pois não se conhece nenhuma espécie com este genoma (FEDERIZZI et al., 2005). Acredita-se que o genoma DD nunca tenha existido como uma espécie, porém, é sugerido que tenha derivado diretamente do genoma AA (LEGGETT; MARKHAND, 1995). Dessa forma, a *Avena sativa* é classificada como aloploiploide natural, e que apresenta meiose regular, semelhante a indivíduos diplóides (HOLDEN, 1979).

A aveia branca é uma gramínea de hábito cespitoso, com sistema radicular fibroso e fasciculado, apresentando raízes seminais e adventícias, melhorando a penetração no solo. O colmo é cilíndrico e ereto, composto por uma série de nós (sólidos) e entrenós (occos), conferindo a planta altura superior a um metro em algumas cultivares. A inflorescência é uma panícula piramidal, terminal e aberta, contendo espiguetas nas terminações, apresentando um grão primário e um secundário, e, raramente, um terciário. Isso ocorre por que normalmente, somente os dois antécios basais, primário e secundário, de cada espiguetas são férteis (BONNETT, 1961; SHANDS; CISAR, 1988).

Embora não se tenha uma certeza, tudo indica que o centro de origem da aveia branca encontra-se na Ásia menor (COFFMAN, 1977). No início da agricultura, a aveia era uma espécie invasora em cultivos de trigo e cevada, sendo introduzida na Europa juntamente com sementes destes cereais amplamente cultivados. Ao longo do tempo, nas migrações destas culturas para as regiões mais frias da Europa, a aveia branca mostrou boa adaptação, recebendo mais atenção e espaço de uso. Portanto, ganhou em competitividade, sendo domesticada como uma cultura alternativa, destinada ao consumo dos animais (THOMAS, 1995).

1.3 Uso na alimentação humana

A preocupação com a alimentação humana não está baseada somente na quantidade produzida, mas também na qualidade do alimento que está sendo consumido. Diante dessa mudança no hábito alimentar, a aveia branca se destaca dentre os cereais apresentando grãos com alta qualidade nutricional, fato que faz com que o seu consumo cresça continuamente.

Os principais diferenciais do grão em relação aos demais cereais são a elevada qualidade proteica, conteúdo lipídico com predominância de ácidos graxos insaturados, componentes com propriedades antioxidantes, conteúdo adequado de carboidratos, alta proporção de fibras alimentares, com destaque para as β -glucanas (CRESTANI et al., 2010; DAOU; ZHANG, 2012; SILVEIRA, 2015). Diante dessas inúmeras características a aveia branca recebe o título de alimento funcional (JENZER et al., 2016; CRESTANI et al., 2012; MARSHALL et al., 2013; AHMED et al., 2014).

Diversos trabalhos vêm demonstrando os inúmeros benefícios da utilização da aveia branca na dieta humana. Suchecka et al (2017) confirmam o efeito positivo das

β -glucanas da aveia na condição do trato gastrointestinal, principalmente pela sua ação antioxidante. Os mesmos autores em pesquisas com animais relatam o efeito anti-inflamatório no sistema digestivo de ratos com enterite.

Níveis elevados de colesterol total e LDL no sangue são fatores de risco relacionados a doenças cardiovasculares. Uma das medidas para evitar esses problemas é o consumo da viscosidade da fibra solúvel β -glucanas que são encontradas em grande quantidade na aveia (HO et al., 2016; JENZER et al., 2016). Em 2006, a European Food Safety Authority (EFSA) aprovou a alegação de saúde de que uma dose de pelo menos 3 g de β -glucanas por dia mantém as concentrações normais de colesterol no sangue. Verificou-se que as propriedades de redução do colesterol do β -glucanas variam com base no processamento e utilização em produtos (STENERYD, 2016). Devido ao baixo teor de glúten o grão integral de aveia também é fornecido como fonte de carboidratos na dieta de pacientes celíacos (GILISSEN et al., 2016).

O amido de aveia é considerado distinto entre outros amidos de cereais sendo menor em tamanho, alto conteúdo lipídico e superfície granular bem desenvolvida (SHAH et al., 2016). Além disso, o amido de aveia é mais viscoso, menos propenso a retrogradação e oferece maior resistência à digestão, comparado com o amido de trigo, sendo de interesse à muitos processadores de alimentos (BERSKI et al., 2011).

O amido é o principal componente do grão de aveia, sendo 60% do peso seco total. A digestibilidade do amido de aveia é de cerca de 100%. O amido de aveia é digerido lentamente, em parte devido à presença de grandes quantidades de fibras e ao alto teor de óleo no grão, o que retarda o esvaziamento do estômago e melhora a digestão. Isso resulta em uma oferta gradual de glicose para o intestino, o que mantém uma longa sensação de saciedade. Como resultado, alimentos integrais de grãos de aveia têm um baixo índice glicêmico, o que é vantajoso em casos de diabetes e obesidade (GILISSEN et al., 2016; LEE et al., 2016).

O uso na alimentação humana vai desde a confecção de produtos alimentícios infantis, flocos e farinhas, cereais matinais (quentes ou frios), granolas, barras de cereais, produtos forneados ou assados (pães, biscoito, bolos), componente aditivo para engrossar sopas, molhos e para aumentar o volume de produtos cárneos (MORI et al., 2012; FEDERIZZI et al., 2014; JENZER et al 2016).

1.4 Melhoramento genético da aveia no Brasil

A época em que a aveia foi introduzida no Brasil não está elucidada. São registrados cultivos desde o século XV, com várias tentativas de introdução de cultivares estrangeiras no país, porém, sem sucesso, principalmente devido a ocorrência de doenças (MORI et al., 2012).

O melhoramento genético da aveia teve impulso na década de 1930 na estação experimental de Bagé, com o teste de cultivares introduzidas no país, trazidas da Argentina e do Uruguai. Foram realizados ensaios de adaptação e desempenho nas condições edafoclimáticas da região (FEDERIZZI et al., 2005). As primeiras cultivares adotadas demonstravam problemas de adaptação, principalmente pelo ciclo longo de cultivo e elevada estatura, resultando em acamamento, reduzido rendimento e baixa qualidade de grãos (FEDERIZZI; PACHECO, 2009).

Desde então, vários trabalhos foram sendo realizados com o objetivo de aumentar o rendimento de grãos, a adaptação das cultivares e também obtenção de novos genótipos. A partir das décadas de 60 e 70 esses trabalhos foram sendo intensificados, unindo empresas e instituições, como o Ministério da Agricultura, Estação Experimental de Passo Fundo, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Universidade Federal de Pelotas (UFPEL) (a partir da década de 90), Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) e a empresa de produtos alimentícios Quaker S.A (FEDERIZZI; PACHECO, 2009).

Em 1974 o professor Fernando Irajá Félix de Carvalho trouxe dos EUA uma coleção de linhas puras e populações segregantes de aveia branca em geração F₂ obtidas na Universidade de Wisconsin, e junto a Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) começou um intensivo trabalho de melhoramento, representando um marco importante para chegar nas cultivares e genótipos atuais de aveia branca (FEDERIZZI et al., 2005). A partir deste momento, os trabalhos de melhoramento genético proporcionaram o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições brasileiras, principalmente à Região Sul (HAWERROTH et al., 2014). O resultado foi uma evolução e melhoria na arquitetura da planta, saindo de um biótipo de planta forrageira para uma planta que apresenta caracteres essenciais, com estatura baixa, ciclo reduzido e boa produção de grãos (BARBOSA NETO et al., 2000).

As modificações nos genótipos de aveia visando a produção de grãos foram inicialmente preconizadas pela caracterização de genes de grande efeito no caráter, e pequena participação dos efeitos de ambiente. Este primeiro melhoramento possibilitou uma drástica modificação fenotípica da planta em relação a caracteres qualitativos. Posteriormente, outras modificações em caracteres controlados por genes de pequeno efeito e grande participação do ambiente foram selecionados nos novos genótipos, visando caracteres quantitativos como rendimento de grãos e qualidade de grãos (HAWERROTH et al., 2014).

O resultado desse trabalho se observa no aumento das produtividades brasileiras e mundiais. A média mundial na década de 70 era de 1646 kg ha⁻¹ e no ano de 2015 atingiu 2330 kg ha⁻¹, uma elevação de 29,36% (USDA, 2017). No Brasil, a produtividade aumentou de 945 kg ha⁻¹ na década de 70 para 2840 kg ha⁻¹, resultando em um crescimento de 300% (FEDERIZZI et al., 2014; CONAB, 2017).

Um dos principais focos dos programas de melhoramento é o rendimento de grãos que apresentou considerável avanço. Porém, a seleção para este caráter é sensivelmente dificultada pela reduzida eficiência em identificar genótipos superiores, pelo fato de se tratar de um caráter quantitativo. O ambiente interfere diretamente na expressão do potencial do genótipo, o que também pode ser verificado entre genótipos elite (CRESTANI et al., 2010).

O reflexo positivo do processo de melhoramento é o surgimento de várias pequenas indústrias que visam a transformação e processamento da aveia branca com destino à alimentação humana. Desde então, tem se oferecido ao mercado cultivares cada vez mais adaptadas e melhorando caracteres importantes como peso do hectolitro, massa média de grãos, índice de colheita, número de grãos por panícula, estatura da planta, tolerância ao alumínio, tolerância ao frio e a geada, entre outros (BENIN, 2005).

Todo esse processo de trabalho e estudos envolvendo a aveia branca possibilitou um grande avanço e vem consolidando a cultura no cenário agrícola brasileiro. Porém, a ocorrência de doenças e pragas ainda merecem um cuidado especial, assim como a busca por cultivares com uma maior resistência ao acamamento e que se adaptem nas diversas regiões do país, acompanhando a expansão da cultura. Para isso, os programas de melhoramento genético da aveia são de fundamental importância, oferecendo genótipos superiores para que a cultura possa ser rentável para os produtores e para a indústria beneficiadora.

1.5 Métodos de condução de populações segregantes

O sucesso no processo de seleção de genótipos superiores começa na escolha correta dos genitores e da máxima exploração da variabilidade genética na população segregante (CASTANHEIRA; SANTOS, 2004). O método de condução tem igual importância neste processo. A hibridização, que permite a recombinação de caracteres encontrados em dois indivíduos e a posterior segregação e seleção, se apresenta como uma das mais eficientes formas para composição de populações com variabilidade genética em plantas autógamas (CARVALHO et al., 2008).

A escolha do método mais apropriado e sua integração com as diversas variáveis em um programa de melhoramento são essenciais para garantir a eficácia na seleção de genótipos superiores. A escolha do método de condução está condicionada aos recursos que o programa de melhoramento dispõe e os objetivos que contém (CARVALHO et al., 2008).

Existem vários métodos de melhoramento de plantas autógamas que podem ser adotados para a condução e seleção em gerações segregantes. Os mais utilizados são o método massal, genealógico e SSD (*Single Seed Descent*).

O método SSD foi proposto para superar algumas limitações que os métodos genealógico e populacional continham. Uma das principais vantagens do método é a possibilidade de realizar o avanço de mais de uma geração por ano e assim realizar a seleção em gerações mais avançadas, possibilitando ganhos em tempo até a obtenção de novas cultivares e redução de custos. Outra vantagem é a manutenção da variabilidade genética contida na população F_2 , possibilitando o estudo de caracteres em populações segregantes (CARVALHO et al., 2008).

1.5.1 Método SSD Clássico

O método propõe a colheita de duas ou três sementes de cada planta na geração F_2 , e uma semente de cada planta compõe a geração seguinte. Este procedimento é repetido até a geração F_5 , onde as sementes de cada planta formarão uma linha na geração F_6 . Nesta geração e também na geração F_7 serão procedidas a seleção de genótipos, baseado no objetivo do programa de melhoramento. Se não houver a perda de plantas durante o avanço das gerações as linhas F_6 irão conter a mesma variabilidade que existia na geração F_2 . Portanto, a geração F_2 deve ser

grande o suficiente para possibilitar que genótipos transgressivos estejam presentes na geração F₆ (FEHR, 1987; CARVALHO et al., 2008).

Uma das características deste método é a separação da fase de aumento de homozigose da fase de seleção. Dessa forma, as populações segregantes não precisam ser conduzidas no ambiente similar ao qual a futura cultivar será cultivada (BORÉM; MIRANDA, 2013).

No método não se realiza seleção artificial nas primeiras gerações, tampouco ocorre a seleção natural na população segregante. Com isso é evitado erros na seleção em gerações precoces, devido a ação de dominância, epistasia ou do ambiente. Também permite o avanço de mais de uma geração por ano, agilizando a obtenção do genótipo de interesse.

As principais vantagens do método são o fornecimento da máxima variância genética na população final, alcance rápido do nível de homozigose desejado, facilidade na condução e a possibilidade de condução fora da região de cultivo ou adaptação. As desvantagens do método são a pequena oportunidade de seleção nas gerações precoces e a falta da ação da seleção natural, quando esta é favorável. Uma das limitações do método é a reduzida exploração da variabilidade na geração F₂. Embora cada planta dessa geração seja amostrada, apenas uma semente deverá representar toda a variabilidade de cada indivíduo F₂. No caso de genitores com características idênticas provavelmente uma semente por planta representa bem a variabilidade. No entanto, no caso de genitores contrastantes essa representatividade pode estar comprometida (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988; BORÉM; MIRANDA, 2013).

1.5.2 Método SSD com modificações

As modificações nos métodos de condução de plantas são feitas para maximizar as vantagens de cada método e diminuir as limitações que cada método proporciona. As modificações no método SSD clássico são feitas para evitar a perda de genótipos desde a população F₂ até a geração F₆, onde se busca ter a máxima variabilidade possível. Também são feitas modificações para explorar mais a variabilidade existente na geração F₂ no caso de genitores contrastantes.

Nesse caso são realizadas modificações que visam aumentar o número de sementes conduzidas e cultivadas a partir de uma mesma planta F_2 . O resultado é um aumento no número de famílias disponíveis para avaliação nas gerações avançadas. Em estudo realizado comparando o método SSD Clássico e SSD com modificações com avanço de mais de uma semente por planta F_2 , foi possível observar um aumento no ganho de seleção para vários componentes de rendimento com o método modificado (SILVEIRA, 2015). Portanto, as modificações são vistas de maneira positiva, uma vez que ampliam a variabilidade dentro da população, possibilitando a obtenção de genótipos transgressivos com maior facilidade.

1.6 Avaliação de populações segregantes de autógamias

As plantas autógamias apresentam alta taxa de autofecundação e o estudo da herança genética ou de características da planta é feito através de cruzamentos de genitores homocigotos contrastantes para aquele caráter ou conjunto de caracteres de interesse (RAMALHO et al., 1993).

As sementes obtidas nesse cruzamento darão origem a plantas altamente heterocigotas e geneticamente idênticas (em F_1). A seleção será ineficiente nesta geração (CARVALHO et al., 2008).

Nas gerações seguintes ocorre a segregação transgressiva proporcionada pelo rearranjo e recombinação gênica das características dos genitores e o grau de diferença entre as famílias segregantes dependerá da distância genética entre os genitores (CARVALHO et al., 2008).

A variação contínua pode ser visualizada nos principais caracteres agronomicamente importantes. As formas de análise desta variação e o papel da genealogia na sua determinação se dá principalmente pela distribuição de frequência, ao observar um número de indivíduos, sendo caracterizada por parâmetros estatísticos como a média e variância (MATHER; JINKS, 1984).

Estudos envolvendo estatísticas descritivas caracterizam a direção e a magnitude da variabilidade dos caracteres dentro de uma população e evidenciam quais genótipos apresentam um padrão de segregação diferente dos seus genitores. Permite também identificar genótipos transgressivos para cada caráter mensurado. Diante disso, os coeficientes de assimetria (S) e curtose (K) são utilizados como ferramenta em análises descritivas de frequências, permitindo classificar as

distribuições conforme a disposição das observações perante a curva normal e estimar a variabilidade genética para um determinado caráter (MISRA et al., 2008).

O estudo das informações sobre o controle genético dos caracteres auxilia o melhorista na tomada de decisão. A ideia básica no estudo da variação é o seu parcelamento em componentes atribuídos a diversas causas. A magnitude desses componentes é quem determina as propriedades genéticas da população (FALCONER, 1981). Quando o foco são caracteres quantitativos, essas informações podem ser obtidas utilizando componentes de média ou de variância (CRUZ et al., 2004). Os componentes da variância têm a vantagem de não anular os efeitos genéticos, como pode ocorrer com as médias, e possibilitam também estimar a herdabilidade e o ganho esperado com a seleção para determinado caráter (MORETO et al., 2007).

No estudo de variação de caracteres quantitativos adota-se o modelo básico: $F=G+E$, onde a expressão de determinado fenótipo (F) é resultado da ação do genótipo (G) sob a influência do ambiente (E) (FALCONER, 1981; CRUZ et al., 2012).

A variância fenotípica (σ^2_F) é composta, portanto, por dois componentes, onde o primeiro é a variância de ambiente (σ^2_E) e o segundo a variância genotípica (σ^2_G) que permitem assim evidenciar a variabilidade genética da população em estudo (RAMALHO et al., 2012). A obtenção dos componentes de variância tem sido amplamente usada no melhoramento genético, pois permite, que por intermédio dos delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir da avaliação fenotípica (CRUZ et al., 2012).

A inferência da variância genética (σ^2_G) é realizada com intuito de compreender a estrutura genética envolvida entre as progênies segregantes, sendo determinada por efeitos aditivos e não aditivos (BALDISSERA et al., 2014).

Uma fração da variância fenotípica (σ^2_F) apresenta causas ambientais, sendo expressa através da variância de ambiente (σ^2_E), que não pode ser removida, pois nela se incluem toda a variância não genética, e manifesta natureza não herdável, podendo ser minimizadas por técnicas experimentais (FALCONER, 1981; RAMALHO et al., 2012).

Outro parâmetro de suma importância na avaliação de populações segregantes é a estimativa da herdabilidade. Ela expressa a proporção da variação total que é atribuída aos genes. O principal papel da herdabilidade é, portanto, o seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como guia para o valor

genético. Somente o valor fenotípico pode ser diretamente medido, porém, é o valor genético que determina sua influência na próxima geração (FALCONER, 1981).

Existem alguns fatores que podem afetar a herdabilidade, como o caráter investigado, o método de estimação, a variabilidade na população, nível de endogamia da população, o tamanho da amostra avaliada, número e tipo de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento (BORÉM; MIRANDA, 2013).

O ganho de seleção gera a possibilidade de prever o comportamento da progênie de um cruzamento possibilita ao programa de melhoramento ganhar tempo e avançar somente nos genótipos que forem superiores e com maior potencial (SOUZA e SORRELS, 1991). As chances de sucesso aumentam quando são usados genótipos elites, que se complementem nos seus caracteres, possibilitando que a progênie possua variabilidade genética suficiente para formar linhas puras e superar os genitores (RASMUSSEN; PHILLIPS, 1997).

1.7 Referências bibliográficas (Introdução geral e Revisão Bibliográfica)

AHMED, S.; ROY, A.K.; MAJUMDAR, A.B. Correlation and path coefficient analysis for fodder and grain yield related traits in oats (*Avena sativa* L.). **Annals of Biology**, v. 29, n.1, p. 75-78, 2013.

ANTONOW, D. **Determinação de caracteres associados à qualidade física e eficiência de descasque dos grãos de aveia (*Avena sativa* L.)**. 2013. 161f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2013.

BALDISSERA, J.N.C.; et al. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.13, n.2, p.181-189, 2014.

BARBOSA, J.F.N; et al. 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.; et al. 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.

BERSKI, W.; et al. Pasting and rheological properties of oat starch and its derivatives. **Carbohydrate Polymers**, v.83. n.2, p.665-671, 2011.

BERTAN, I.; et al. Estimativa do ganho genotípico por meio da seleção em geração segregante de aveia. **Scientia Agraria**, v.5, n.1-2, p.29-33, 2004.

BONNETT, O.T. **The oat plant: Its histology and development**. Illinois Agric. Station, 1961. 112p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa: Ed. Viçosa, 2013. 523p.

BRASIL. Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v.4, n.3, 2017. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 10 jan. 2017.

CASTANHEIRA, A.L.M.; SANTOS, J. B. RAPD marker assessment of self-pollinated inbreeding methods for common bean segregant populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, n.1, p.1-6, 2004.

CARVALHO, F.I.F.; et al. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. 2.ed. Pelotas: Editora Universitária, 2008.

CASTRO, G.S.A.; COSTA, C.H.M.; NETO, J.F. Ecofisiologia da aveia branca. **Scientia Agraria Paranaensis**. v.11, n.3, p.1-15, 2012.

COFFMAN, F. A. **Oat history, identification and classification**. Washington: United States Department Agriculture, 1977. 364p.

CRESTANI, M.; et al. Combining ability for grain chemistry quality traits in a white oat diallelic cross. **Euphytica**, v.185, n.1, p.139-156, 2012.

CRESTANI, M.; et al. Conteúdo de β -glucana em cultivares de aveia-branca cultivadas em diferentes ambientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.3, p.261-268, 2010.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

DAOU, C.; ZHANG, H. Oat Beta-Glucan: Its role in health promotion and prevention of diseases. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v.11, n.4, p.355–365, 2012.

EFSA (2009). *Scientific Opinion on the substantiation of health claims related to beta-glucans and maintenance of normal blood cholesterol concentrations (ID 754, 755, 757, 801, 1465, 2934) and maintenance or achievement of a normal body weight (ID 820, 823) pursuant to Article 13(1) of Regulation (EC) No 1924/2006 on request from the European Commission*.

FEDERIZZI, L.C.; et al. Importância da cultura da aveia. In: LÂNGARO, N.C.; CARVALHO, I.Q. (Org.). **Indicações técnicas para a cultura da aveia**. Passo Fundo: Universidade de Passo Fundo, 2014. p.44-53.

FEHR, W.R. Principles of cultivar development. **New York: MacMillan**, 1987. 525p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. ALMEIDA E SILVA, M.; SILVA, J.C. (Trad.). Viçosa: UFV, 1981.

FEDERIZZI, L.C. et al. Melhoramento da aveia. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2005. p.141-169.

HARTWIG, I.; et al. Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciência Rural**, v.37, n.2, p.337–345, 2007.

FEDERIZZI, L.C.; PACHECO, M.P. Programa de melhoramento genético de aveia da UFRGS: 35 anos de história. In: Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia, 2009, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: UFRGS, 2009. p.202-205.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) In: GEPTS, P. (ed.). **Genetic resources of Phaseolus bean**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988,61 lp.

HAWERROTH, M.C.; et al. Correlations among industrial traits in oat cultivars grown in different locations of Brazil. **Australian journal of crop science**, v.9, n.12, p.1182-1189, 2015.

HAWERROTH, M.C.; et al. **Importância e dinâmica de caracteres na aveia produtora de grãos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado. p.56, 2014.

HO, H.V.T.; et al. The effect of oat β -glucan on LDL-cholesterol, non-HDL-cholesterol and apoB for CVD risk reduction: a systematic review and meta-analysis of randomised-controlled trials. **British Journal of Nutrition**, v.116, n.8, p.1369-1382, 2016.

HOLDEN, J.H.W. Oats. *Avena* spp. (Gramineae - Aveneae). In: SIMMONDS, N.W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. New York: Longman, 1979. 339p.

GILISSEN, L.J.W.J.; et al.; Why Oats Are Safe and Healthy for Celiac Disease Patients. **Medical Science**, v.4. p.2-9, 2016.

GRIFFITHS, I. **Dissecting the yield components of oats (*Avena sativa*)**. 2010. 51f. PhD Summary Report - Institute of Biological, Environmental & Rural Sciences (IBERS) and Aberystwyth University, País de Gales, 2010. Disponível em: <<https://cereals.ahdb.org.uk/media/674324/sr16-irene-griffiths.pdf>>. Acesso em: 16 jan. 2017.

JAMIL, M.; et al. A Review on Multidimensional Aspects of Oat (*Avena sativa*) Crop and Its Nutritional, Medicinal and Daily Life Importance. **World Applied Sciences Journal**, v.34, n.10, p.1269-1275, 2016.

JENZER, H.; et al. Functional Foods. **BAOJ Nutrition**, v.2, n.3, p.1-3, 2016.

LANGARO, N.; et al. Análise conjunta do ensaio brasileiro de cultivares de aveia branca, 2015. In: XXXVI Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia, 2016, Pelotas. **Anais**. Pelotas: UFPEL, 2016.

LEE, H-C; et al. b-Glucan, but not *Lactobacillus plantarum* P-8, inhibits lipid accumulation through selected lipid metabolic enzymes in obese rats. **Journal Food Biochemistry**, p.1-9, 2016.

LEGGETT, J. M.; THOMAS, H. Oat evolution and cytogenetics. In: WELCH, R. W. (Ed.) **The oat crop: production and utilization**. 1.ed. Londres: Chapman & Hall, 1995. p.141-169.

LEGGETT, J.M.; MARKHAND, S.M. The genomic identification of some monosomics of *Avena sativa* L. cv Sun II using GISH. **Genome**, Canada, v.38, n.4, p.747-751, 1995.

LORENCETTI, C.; et al.; Capacidade combinatória e heterose em cruzamento dialélico de aveia (*Avena sativa* L.). **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.11, n.2, p.143-148, 2005.

MARCHIORO, V.S.; et al. Herdabilidade e correlações para caracteres de panícula em populações segregantes de aveia. **Revista Brasileira de agrociência**, v.9, n.4, p.323-328, 2003.

MARSHALL, A.; et al. Crops that feed the world. Oats- a cereal crop for human and livestock feed with industrial applications. **Food Security**, v.5, n.1, p.13-33, 2013.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Introdução à genética biométrica**. 1°.ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. p.242.

MISRA, R.C.; et al. Studies on skewness, kurtosis and transgressive variation in M2 populations of rice bean (*Vigna umbelata*) varieties. **Legume Research**, v.31, n.2, p.94-99, 2008.

MORETO, A.L.; et al. Estimação dos componentes de variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.4, p.1035-1042, 2007.

MORI, C.; FONTANELI, R.S.; SANTOS, H.P. **Aspectos econômicos e conjunturais da cultura da aveia**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2012. 26 p. Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do136.htm>. Acesso em: 24 fev. 2016.

RAMALHO, M.A.P.; et al. **Genética na Agropecuária**. Lavras (MG): UFLA, 2012. 555p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética Quantitativa em Plantas Autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271p.

RASMUSSEN, D.C; PHILLIPS, R.L. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, Madison, v.37, n.2, p.303-310, 1997.

SHANDS, H.L.; CISAR, G.L. Avena. In: HALEVY, A.H. **CRC handbook of flowering**. Boca Raton: CRC Press, 1988. p.523-535.

SILVEIRA, S.F.S. **Estratégias de seleção em aveia branca (*Avena sativa* L.) visando rendimento de grãos e qualidade nutricional**. 2015, 77f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2015.

SHAH, A.; et al. In-vitro digestibility, rheology, structure, and functionality of RS3 from oat starch. **Food Chemistry**, v.212, n.1, p.749-758. 2016.

SIMIONI, D.; et al. Caracterização química de cariopses de aveia branca. **Alimentos e Nutrição**, Araraquara, v.18, n.2, p.191-196, 2007.

SOUZA, E.; SORRELLS, M.E. Prediction of progeny variation in oat from parental genetic relationships. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.82, n.2, p.233-241, 1991.

STENERYD, E. **Comparison of cholesterol-lowering effect of β -glucan in cereals and bread**. 2016. 23f. Bachelor Thesis - Agronomy in Food Science. Faculty of Natural Resources and Agricultural Sciences. Uppsala, Suécia, 2016.

SUCHECKA, D; et al. Impact of purified oat 1-3,1-4-b-d-glucan of different molecular weight on alleviation of inflammation parameters during gastritis. **Journal of Functional Foods**, v.28, n.1, p.11-18, 2017.

TAVARES, M.J.C.M.S.; ZANETINI, M.H.B.; CARVALHO, F.I.F. Origem e evolução do gênero Avena: suas implicações no melhoramento genético. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, p.499-507, 1993.

THOMAS, H. Oats. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N.W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. 2. ed. Harlow: Longman Scientific & Technical, 1995. p.132-136.

UNITED STATES. United States Department of Agriculture. **World Agricultural Production**. n.2, 2017. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/data/grain-world-markets-and-trade>>. Acesso em:12 dez. 2016.

CAPÍTULO II – ESTUDO DA SEGREGAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM FAMÍLIAS F₆ DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO

2.1 Introdução

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma gramínea de inverno, pertencente à família Poaceae, que figura como uma cultura alternativa e viável para a agricultura devido a sua ampla aptidão e finalidade de usos. O baixo custo de implantação e a facilidade de manejo tem feito vários produtores optar pelo cultivo da aveia branca, deixando de cultivar outros cereais de inverno. Isso se deve principalmente pela menor exigência em relação as condições de cultivo, quantidade de nutrientes, variação de pH e por possuir um sistema radicular agressivo. Assim a cultura se torna uma boa alternativa para diminuição dos custos de implantação e manutenção das culturas de inverno (RASANE et al., 2013).

A qualidade nutricional dos grãos da aveia faz com que o cereal também seja usado na alimentação humana. O uso vem crescendo de forma constante devido aos inúmeros benefícios que o cereal proporciona, como boa qualidade proteica, proporção lipídica adequada e fibras alimentares (SIMIONI et al., 2007). Assim sendo, a aveia é considerada um alimento funcional e usada no tratamento e prevenção de várias doenças (CRESTANI et al., 2010; HAWERROTH et al., 2014).

A obtenção de novas cultivares com alto potencial produtivo, bem como adaptadas à expansão do cultivo em novas regiões do país, é fundamental para a consolidação da cultura no cenário agrícola. Neste contexto, os programas de melhoramento genético possuem papel fundamental atuando na prospecção de estratégias para facilitar e agilizar a identificação de genótipos que tenham a capacidade de atender os interesses do produtor, indústria e consumidor. Assim, conforme a literatura, o desempenho de diferentes caracteres como estatura de planta, o número de panículas por planta, massa de grãos da panícula e número grãos por planta definirá o rendimento de grãos de uma cultivar (BENIN et al., 2003; MARCHIORO et al., 2004; DUMLUPINAR et al., 2012; VALÉRIO et al., 2013).

A existência de variabilidade genética é fundamental para que se obtenha avanços no melhoramento de plantas e nos estudos das gerações segregantes. Para isso, a hibridização artificial entre cultivares comerciais ou linhagens específicas é uma importante ferramenta, uma vez que proporciona a recombinação de alelos dos genitores ampliando a variabilidade genética da população segregante (HARTWIG et al., 2007).

Caracterizar a direção e a magnitude da variabilidade de uma série de caracteres é uma atividade fundamental no estudo de populações segregantes. Neste sentido, as estimativas de medidas de assimetria que informam o sentido da distribuição, e as estimativas de curtose em populações permitem estimar o grau de variabilidade genética para um determinado caráter (MISRA et al., 2008).

O estudo das informações sobre o controle genético dos caracteres auxilia o melhorista na tomada de decisão. A ideia básica no estudo da variação é o seu parcelamento em componentes atribuídos a diversas causas. A magnitude desses componentes é quem determina as propriedades genéticas da população (FALCONER, 1981).

Tendo estimado os componentes de variância é possível estimar outro parâmetro de suma importância na avaliação de populações: a herdabilidade. Ela expressa a proporção da variação total que é atribuída aos genes, sendo empregadas principalmente na predição de ganhos genéticos e na escolha dos métodos de seleção expressando a confiança do valor fenotípico como guia para o valor genético (FALCONER, 1981).

O objetivo deste trabalho foi identificar as classes fenotípicas e o sentido de segregação de famílias de aveia branca na geração F₆, bem como, revelar a contribuição dos parâmetros genéticos e componentes de variância no estudo do controle genético de caracteres agrônômicos, em dois cruzamentos e sob dois métodos de condução, visando a seleção de genótipos superiores para o programa de melhoramento do Centro de Genômica e Fitomelhoramento/UFPel.

2.2 Material e métodos

Nesse estudo foram utilizadas famílias de aveia na sexta geração, cultivadas em área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, Faculdade de

Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas – Pelotas/RS, no ano de 2015. Estas famílias são oriundas dos cruzamentos entre as cultivares Albasul e UPF 15 (C1) e entre as cultivares IAC 7 e UFRGS 19 (C2), sob dois métodos de condução.

Os métodos de seleção adotados foram o SSD clássico, com avanço de seleção de apenas uma semente por planta, e SSD com modificações propostas pelo programa de melhoramento de aveia do Centro de Genômica e Fitomelhoramento FAEM/UFPel (SILVEIRA, 2015).

Para obtenção das famílias pelo método SSD clássico (SSD) no ano de 2010 ocorreu o cultivo da geração F_2 de ambos os cruzamentos (30 plantas do cruzamento C1 e 30 plantas do cruzamento C2). Foi realizada a coleta de uma semente de cada planta F_2 para dar origem a geração F_3 . O mesmo procedimento foi repetido até a geração F_5 onde foram usadas as sementes de uma planta para dar origem a uma nova linha na geração F_6 .

Para a condução das famílias pelo método SSD modificado (SSDM) no ano de 2010 ocorreu o cultivo da geração F_2 de ambos os cruzamentos (30 plantas do cruzamento C1 e 30 plantas do cruzamento C2). Ao final do ciclo, sementes de cada planta F_2 foram colhidas separadamente e cada planta deu origem a uma linha com dez plantas na geração F_3 . Desta linha foram selecionadas de forma aleatória três plantas. Destas, as sementes foram colhidas em bulk e foi formada uma nova linha com nove plantas na geração F_4 . Ao final do ciclo, dentro de cada linha (família) foram colhidas quatro plantas, escolhidas de forma aleatória. Cada planta deu origem então a uma nova linha na geração F_5 , formando uma população de 120 famílias. Para compor a geração F_6 foram usadas as sementes de uma planta F_5 . Nessa geração foram colhidas 6 plantas aleatoriamente e avaliadas individualmente. No total foram avaliadas 120 famílias em cada cruzamento para esse método (Figura 2.1).

O delineamento do experimento foi de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo estas os próprios genitores. O espaçamento utilizado foi de 0,2 m entre linhas e 0,2 m entre plantas.

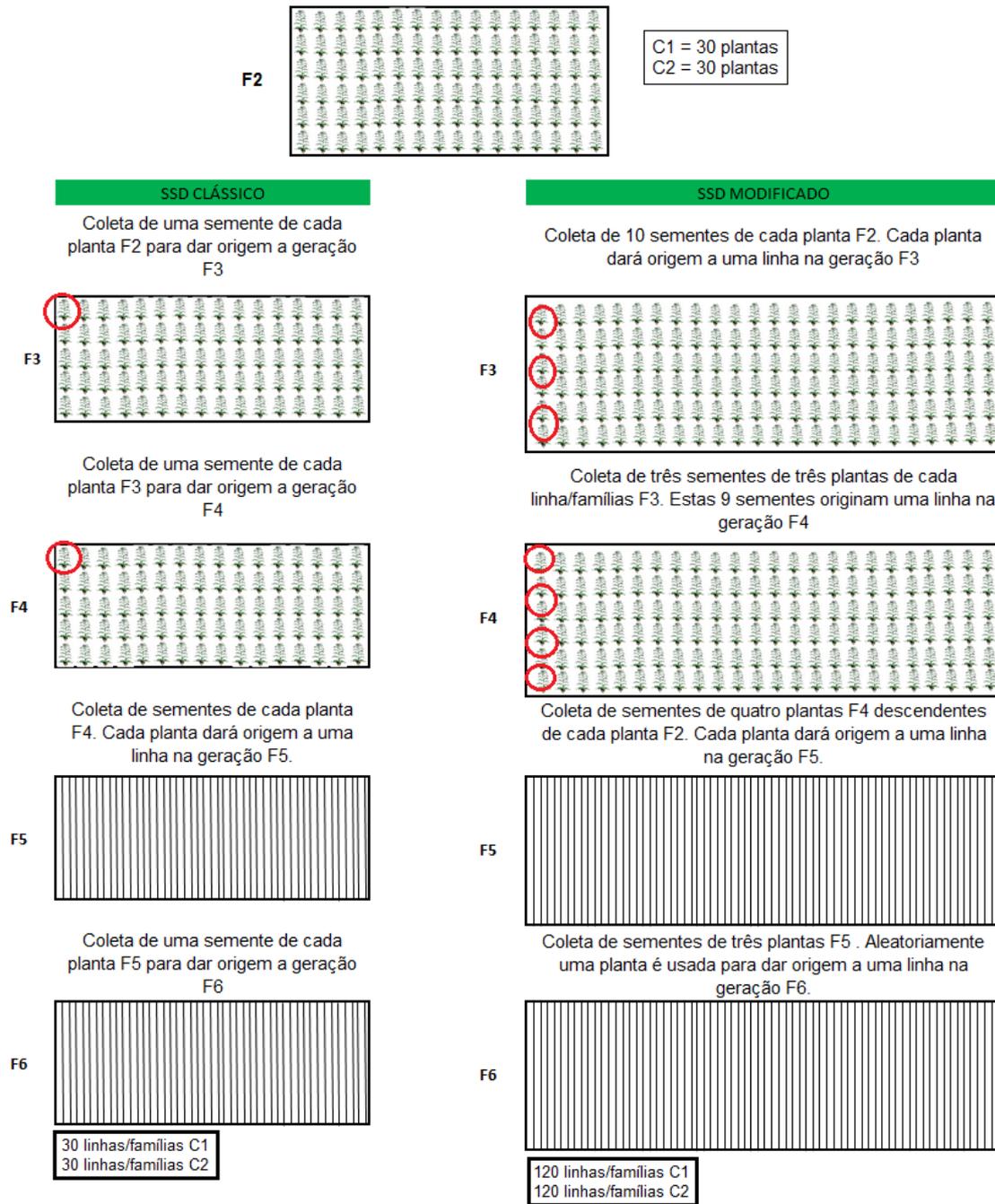


Figura 2.1 Esquema ilustrativo das etapas de condução do experimento pelo método SSD clássico e modificado para os cruzamentos C1 - Albasul x UPF 15 e C2 - IAC 7 x UFRGS 19.

O preparo do solo da área experimental seguiu as recomendações da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia (CBPA, 2014). Empregou-se o sistema de semeadura convencional, com adubação de base de 400 kg ha⁻¹ de NPK na formulação 05-20-20, e a adubação de cobertura foi realizada com 150 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de Ureia CO(NH₂)₂ no afilhamento. O controle de plantas daninhas, insetos-praga e doenças foram realizados de modo a minimizar as interferências bióticas no experimento.

Os caracteres avaliados foram os seguintes:

Estatura de planta (EST), em centímetros, panículas por planta (PP), em unidades, grãos da panícula principal (GPP), em unidades, massa de grãos da panícula principal (MGPP), em gramas, número total de grãos (NTG), em gramas e massa total de grãos (MTG), em gramas.

Obtidos os resultados, estes foram analisados por meio de distribuição de frequência e por estatísticas descritivas que compreenderam medidas de posição e de dispersão: média, valores mínimo e máximo, coeficientes de variação (CV), de assimetria (S) e de curtose (K) utilizando o programa estatístico SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.3, 1999). Também foram obtidos os componentes da variância juntamente com a estimativa de herdabilidade para cada caráter, utilizando o programa estatístico GENES (CRUZ, 2013).

2.3 Resultados e discussão

Estudos envolvendo estatísticas descritivas caracterizam a direção e a magnitude da variabilidade de uma série de dados e elucidam quais genótipos apresentam um padrão de segregação diferente daqueles dos seus genitores. Permitem também identificar genótipos transgressivos para cada caráter mensurado. Diante disso, os coeficientes de assimetria (S) e curtose (K) são utilizados como ferramenta em análises descritivas de frequências, e permitem classificar as distribuições conforme a disposição das observações perante a curva normal e estimar a variabilidade genética para um determinado caráter (MISRA et al., 2008).

Os valores dos coeficientes indicam a distribuição dos dados, onde, (S= 0) distribuição simétrica, (S < 0) distribuição assimétrica negativa e (S > 0) assimetria positiva. A curtose representa a forma da distribuição, com (K= 0) distribuição

mesocúrtica, nem chata nem delgada, ($K > 0$) leptocúrtica, delgada, com alta homogeneidade, ($K < 0$) platicúrtica, achatada e com alta variabilidade (CRUZ, 2006).

As figuras 2.2, 2.3, 2.4, 2.5, 2.6 e 2.7 apresentam os resultados da análise de distribuição de frequência para os caracteres mensurados em 1800 plantas amostradas nos dois cruzamentos de aveia branca: Albasul x UPF 15 (C1) e IAC 7 x UFRGS 19 (C2). Na Tabela 1.1 e 1.2 são apresentados os parâmetros média, valor mínimo e máximo, coeficiente de variação (CV%), assimetria (S) e curtose (K) complementares a análise descritiva.

A estatura de plantas é um caráter de frequente avaliação devido a sua importância nos estudos de correlações fenotípicas e sua correlação positiva com componentes de panícula e produtividade (BENIN et al., 2003; HARTWIG et al., 2006). No entanto, plantas com menor estatura tendem a aceitar maior adensamento e maiores doses de adubação e apresentam uma porcentagem menor de acamamento (HARTWIG et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2011). Em virtude da sua importância, tem se tornado um caráter adotado na seleção indireta de genótipos (KELLER et al, 1999; ALFONSO, 2004).

Tabela 2.1 Análise estatística descritiva para os caracteres agrônômicos de aveia branca de famílias F_6 oriundas do cruzamento Albasul x UPF 15 (C1). Pelotas - RS, 2017.

Caráter	Média	G1	G2	V. Mín	V. Máx	S	K	CV (%)
SSD Clássico								
EST	122,52	113	150	104	140	-0,06	-0,36	7,28
PP	5,26	4,72	4,11	2,72	7,80	0,03	-0,80	25,45
GPP	46,69	36	82	18	69	-0,43	-0,85	32,62
MGPP	1,27	0,77	2,51	0,32	2,02	-0,41	-0,93	37,59
NTG	213,46	168	267	66	431	0,37	-1,03	48,81
MTG	5,75	3,37	8,06	1,90	11,40	0,20	-0,96	47,38
SSD Modificado								
EST	125,50	113	150	106	144	-0,05	-0,29	5,91
PP	5,21	4,72	4,11	2,5	8,33	0,47	0,24	20,80
GPP	51,14	36	82	11	92	0,08	-0,02	29,35
MGPP	1,35	0,77	2,51	0,22	2,4	-0,10	-0,16	32,11
NTG	215,08	168	267	44	436	0,47	-0,19	37,52
MTG	5,65	3,37	8,06	0,99	12,61	0,41	0,07	39,93

EST=Estatura de planta, em cm; PP= Panículas por planta, em unidades; GPP= Grãos da panícula principal, em unidades; MGPP= Massa de grãos da panícula principal, em gramas; NTG= Número total de grãos, em unidades; MTG= Massa total de grãos, em gramas; Média= Média da população F_6 ; Genitor 1; Genitor 2; V. mín. = valor mínimo; V. máx. = valor máximo; CV(%)= coeficiente de variação; S= coeficiente de assimetria; K= Coeficiente de curtose. N= 900 indivíduos.

A cultivar Albasul (G1) é caracterizada como uma cultivar de estatura intermediária enquanto que a cultivar UPF 15 (G2) apresenta uma estatura elevada

(LORENCETTI et al., 2004; CBPA, 2006), o que pode ser observado também na Tabela 2.1, nas médias dos genitores.

A figura 2.1 (A1 e A2) ilustra graficamente a distribuição de frequência, cujo valor de cada família representa a média de seis plantas. A média observada para o caráter EST (Tabela 2.1) para o cruzamento C1 foi de 122,52 cm para o método SSD com a formação de cinco classes fenotípicas, com uma variação de 104 cm a 140 cm. Para o método SSDM a média do caráter foi de 125,50 cm, sendo que foram observadas a formação de oito classes fenotípicas, com uma variação na progênie de 106 cm a 144 cm.

É possível observar uma grande semelhança no comportamento e na segregação das famílias nos dois métodos. No primeiro cruzamento o caráter EST se demonstrou assimétrico (SSD= -0,06 e SSDM= -0,05) e com distribuição platicúrtica (SSD= -0,36 e SSDM= -0,29) para ambos os métodos de seleção demonstrando uma grande heterogeneidade nas observações e maior concentração dos valores a direita da média. A maior parte das famílias teve aproximação com o genitor de menor estatura (G1), de forma que 20% das observações se localizaram abaixo do valor deste genitor. Nenhuma família foi superior ao genitor de maior estatura. É possível observar a presença de indivíduos transgressivos para o caráter possibilitando a seleção de genótipos com baixa estatura.

No entanto, genótipos com maior estatura não devem ser excluídos levando em conta apenas este caráter, pois outras características morfológicas também possuem influência no acamamento como diâmetro de colmo, distância de entrenó e sistema radicular (ALFONSO, 2004), além de fatores externos como condições meteorológicas e disponibilidade de nitrogênio no solo (LANGARO et al., 2014).

O coeficiente de variação caracteriza-se por ser um parâmetro de confiabilidade dos resultados obtidos, bem como indica a existência de variabilidade genética em populações, representado pela concentração das observações em torno da média (CARVALHO et al., 2004).

De forma geral para o cruzamento Albasul x UPF 15 o coeficiente de variação foi maior para as famílias oriundas do método SSD. Nota-se que esse método apesar de conter um número menor de famílias contém ampla variabilidade dentre elas, obedecendo uma das premissas do método e possibilitando a seleção de genótipos transgressivos.

Ao considerar a estatura das famílias oriundas do cruzamento C2 (Tabela 1.2) a média observada no método SSD foi de 116,92 cm, variando de 101 cm a 127 cm, formando cinco classes fenotípicas (Figura 2.1). A média das famílias foi igual ao valor de G2 para o caráter, porém, com pouca diferença para o outro genitor. No método SSDM (B2) a média foi de 114,85 cm, variando de 87 cm a 139 cm, com a formação de nove classes fenotípicas, com uma aproximação da média das famílias do G2. Observa-se que para este caráter o método SSDM possibilitou uma maior amplitude na variação de estatura na progênie avaliada, possibilitando a seleção de genótipos que tenham a estatura correta para cada ambiente. Esse fato é comprovado também ao avaliar o coeficiente de variação que foi maior no método SSDM.

Tabela 2.2 Análise estatística descritiva para os caracteres agrônômicos de aveia branca de famílias F₆ oriundas do cruzamento IAC7 x UFRGS 19 (C2). Pelotas - RS, 2017.

Caráter	Média	G1	G2	V. Mín	V. Máx	S	K	CV (%)
SSD Clássico								
EST	116,92	118	116	101	127	-0,62	-0,26	5,60
PP	4,90	4	7	2,38	8,04	0,13	-0,22	26,52
GPP	44,85	54	49	20	67	0,05	-0,87	28,06
MGPP	1,04	1,41	1,60	0,29	1,81	0,27	1,66	27,54
NTG	161,46	179	282	35	295	0,22	-0,44	41,40
MTG	3,80	4,97	9,04	0,42	8,16	0,38	0,82	42,66
SSD Modificado								
EST	114,85	118	116	87	139	0,24	0,84	7,60
PP	5,10	4	7	2,50	7,83	0,19	0,25	19,43
GPP	45,46	54	49	20	86	0,48	0,26	28,50
MGPP	1,03	1,41	1,60	0,35	2,15	0,62	0,36	33,64
NTG	177,92	179	282	55	525	1,71	5,12	41,19
MTG	3,93	4,97	9,04	1,24	13,25	1,94	9,29	40,26

EST=Estatura de planta, em cm; PP= Panículas por planta, em unidades; GPP= Grãos da panícula principal, em unidades; MGPP= Massa de grãos da panícula principal, em gramas; NTG= Número total de grãos, em unidades; MTG= Massa total de grãos, em gramas; Média= Média da população F₆; Genitor 1; Genitor 2; V. mín. = valor mínimo; V. máx. = valor máximo; CV(%)= coeficiente de variação; S= coeficiente de assimetria; K= Coeficiente de curtose. N= 900 indivíduos.

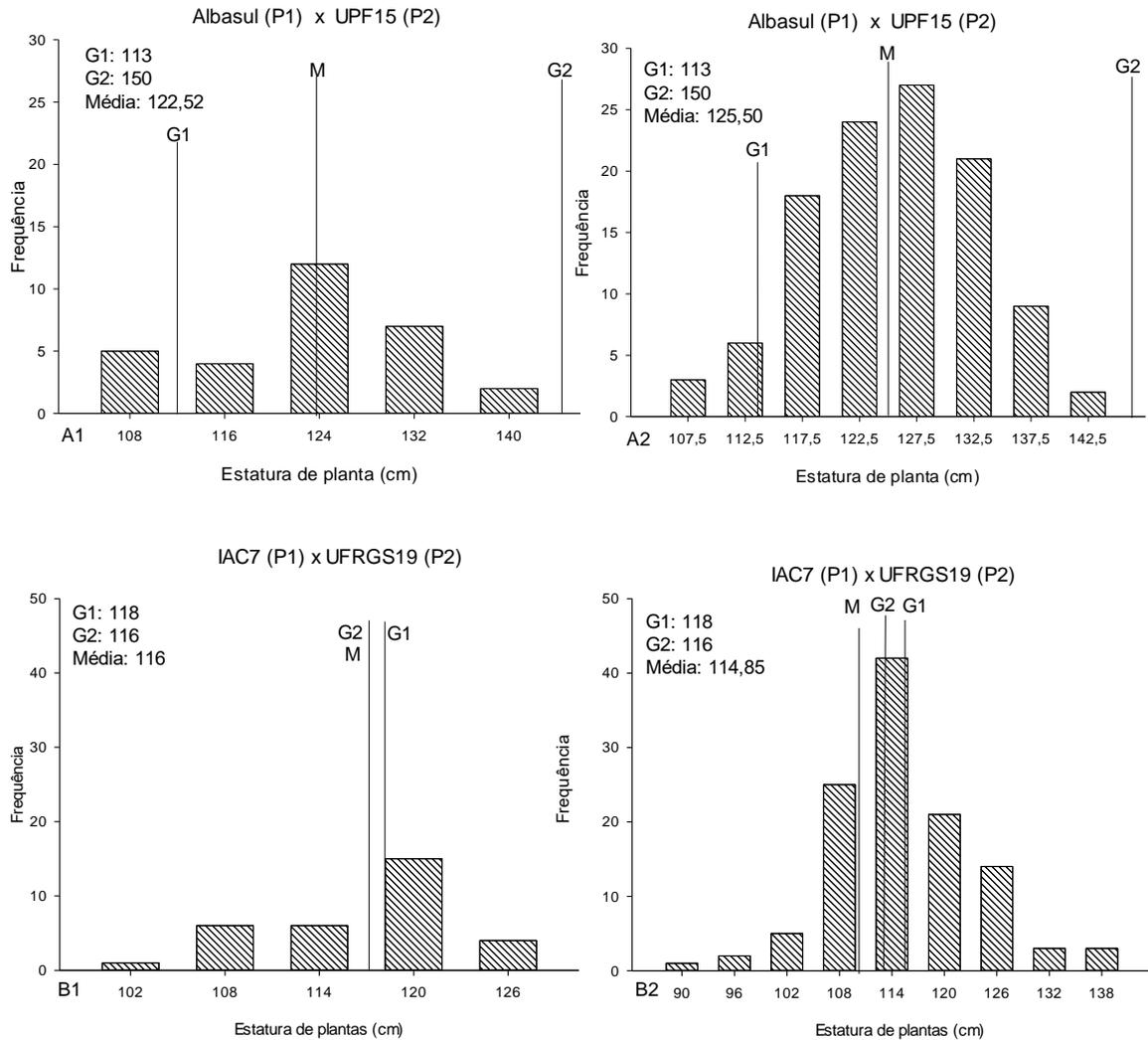


Figura 2.2 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter estatura de planta (EST, em centímetros), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017.

O número de panículas por planta (PP) é um importante caráter que pode ser adotado na seleção indireta para produtividade de grãos (HAWERROTH et al., 2014). Estudos apontam uma correlação positiva entre o caráter e o rendimento de grãos (VAISI; GOLPARVAR, 2013; DUMLUPINAR et al., 2012; HARTWIG et al., 2006) e que a seleção poderá ser eficiente já nas primeiras gerações (HARTWIG et al., 2006).

O cruzamento Albasul x UPF 15 deu origem a famílias que na média tiveram desempenho superior aos dois genitores. No método SSD (Tabela 2.1) o caráter PP apresentou média de 5,26 g, variando de 2,72 g a 7,80 g, com a formação de cinco classes fenotípicas (Figura 2.2). Já para o método SSDM a média foi de 5,21 g, variando de 2,5 g a 8,33 g, com a formação de oito classes fenotípicas.

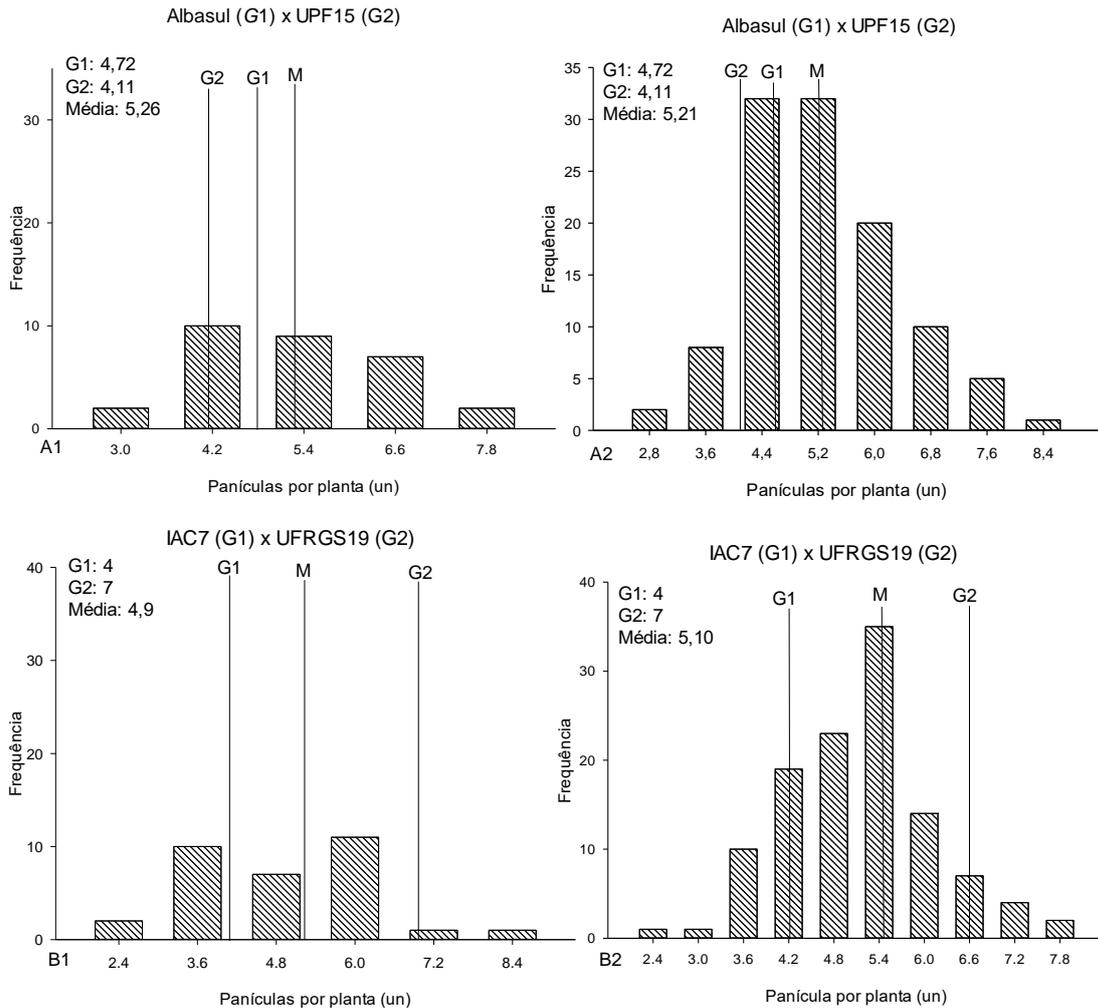


Figura 2.3 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter panículas por planta (PP, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPel, 2017.

O coeficiente de assimetria para o caráter foi assimétrico positivo (0,03) para o método SSD e assimétrico positivo (0,47) para o método SSDM. Em relação a curtose a distribuição no método SSD é classificada como platicúrtica (-0,80) enquanto que, o método SSDM apresentou distribuição leptocúrtica (0,24), demonstrando uma maior homogeneidade nas observações no segundo método. Os dados demonstram que apesar de um número reduzido de famílias em avaliação o método SSD representa boa parte da variação apresentada no método SSDM, sendo que este apresenta um número maior de indivíduos com as mesmas características para o caráter. Observe-se uma maior aproximação da média em relação ao G1 em ambos os métodos de condução.

O cruzamento C2 apresentou progênie que na sua média foi superior apenas ao genitor de menor valor para o caráter (G1) para ambos os métodos de condução

(Tabela 2.2). O método SSD apresenta média de 4,90 g, variando de 2,38 g a 8,04 g com a formação de seis classes fenotípicas (Figura 2.2). Para o método SSDM a média observada foi de 5,10 g, variando de 2,50 g a 7,83 g, com a formação de dez classes fenotípicas. Observa-se uma maior aproximação da média do G1 em ambos os métodos de condução.

O caráter demonstrou assimetria positiva para ambos os métodos (SSD= 0,13; SSDM= 0,19), divergindo na distribuição, onde o método SSD demonstrou distribuição platicúrtica (-0,22) e o método SSDM distribuição leptocúrtica (0,25). É importante observar que o método SSD possui uma amplitude de variação maior que o método SSDM, mesmo com um número menor de famílias avaliadas, fato que é observado também no coeficiente de variação que é maior no método SSD nos dois cruzamentos.

As médias, apesar de diferentes, foram bastante aproximadas entre os métodos, indicando que não há ganho expressivo em relação ao caráter na condução de um número maior de famílias. É possível observar que para ambos os cruzamentos e métodos há indivíduos segregantes que apresentam valores acima do genitor de maior número de PP e também de indivíduos com valores abaixo do genitor de menor número de PP. No entanto, o aumento de classes fenotípicas para o caráter, gerado pelo método SSDM, nos dois cruzamentos, permite ao melhorista um maior número de opções para efetuar a seleção escolhendo os genótipos que agreguem as características de interesse.

O número de grãos por panícula (GPP) é um componente de rendimento que possui forte influência na produção de grãos de aveia (VAISI; GOLPARVAR, 2013; DUMLUPINAR et al., 2012). A sua mensuração é importante, portanto para auxiliar na seleção indireta visando maiores produtividades.

A média para o caráter GPP (Tabela 2.1) no método SSD foi de 46,69, variando de 18 a 69, formando cinco classes fenotípicas (Figura 2.3). O mesmo caráter no método SSDM teve média de 51,14, variando de 11 a 92, com a formação de nove classes fenotípicas. O método SSD apresentou assimetria negativa (-0,43) para o caráter enquanto que o método SSDM apresentou-se assimétrico (0,08). A média das famílias teve aproximação maior do G1 que foi o genitor de menor média para o caráter. O método SSDM apresentou maior amplitude na variação das observações, apresentando também um maior teto de produção e maior média na população segregante, resultando assim numa maior facilidade na obtenção de genótipos superiores para o caráter.

Em relação a distribuição de curtose se observa uma distribuição platicúrtica (-0,85) para o método SSD e distribuição mesocúrtica (-0,02) para o método SSDM, indicando assim, uma maior homogeneidade nas observações no segundo caso. O coeficiente de variação também demonstra uma maior variação entre as observações no método SSD.

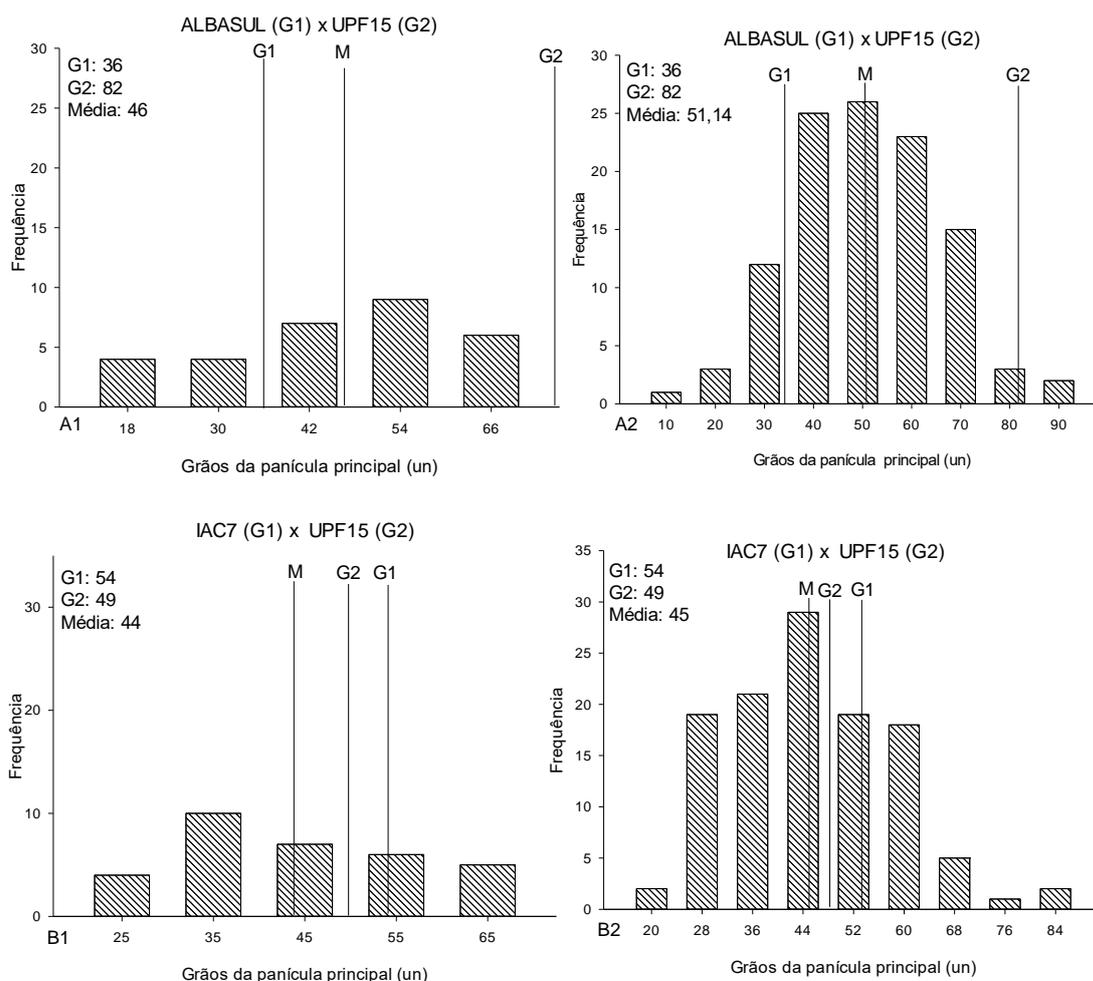


Figura 2.4 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter grãos da panícula principal (GPP, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPeI, 2017.

Para o cruzamento C2 (Tabela 2.2) no método SSD a média do caráter foi de 44,85, variando de 20 a 67, com formação de cinco classes fenotípicas (Figura 2.3). O coeficiente assimétrico para o caráter (0,05) e a distribuição platicúrtica (-0,87), demonstram um agrupamento em torno da média e uma grande heterogeneidade nas observações entre as famílias. Para o método SSDM a média para o caráter foi de 45,46, variando de 20 a 86, com a formação de nove classes fenotípicas. A assimetria

positiva (0,48) e distribuição leptocúrtica (0,26), revelam um agrupamento das observações a esquerda da média e uma homogeneidade nas observações. Em ambos os métodos de condução a média da população se aproximou de G2 que foi o genitor de menor média para o caráter. A elevação no teto de produção que o método SSDM proporcionou não refletiu no aumento da média na população. Os coeficientes de variação foram idênticos em ambos os métodos de condução.

A identificação de indivíduos com altos índices de massa de panícula possibilita a seleção de genótipos com altos rendimentos através da seleção indireta (CAIERÃO et al., 2001; MARCHIORO et al., 2004; LORENCETTI et al., 2006; VALÉRIO et al., 2013). A massa da panícula também está correlacionada com outros componentes de rendimento, como número de panículas por planta, número de grãos por panícula e massa de grãos da planta (BENIN et al., 2005). O caráter possui fácil avaliação e assim, pode facilitar seu uso na seleção indireta (KUREK et al., 2002).

Porém, a eficácia da seleção pode ser aumentada se acompanhada da avaliação de caracteres auxiliares como massa de mil grãos e número de grãos por panícula, devido ao efeito indireto destes caracteres sobre a massa da panícula no aumento da produtividade. A massa dos grãos da panícula corresponde a aproximadamente 80 a 85 % do peso da massa da panícula (CAIERÃO et al., 2001), tornando-se este um importante caráter de estudo para aumento no rendimento.

As famílias descendentes do cruzamento Albasul x UPF15 (Tabela 2.1) avaliadas no método SSD tiveram média de 1,27 g para o caráter MGPP, variando de 0,32 g a 2,02 g, formando cinco classes fenotípicas (Figura 2.4), enquanto que as famílias avaliadas no método SSDM obtiveram média de 1,35 g, variando de 0,22 g a 2,4 g, formando oito classes fenotípicas. Em ambos os casos o cruzamento não foi eficiente em produzir genótipos transgressivos para o caráter e nenhum indivíduo teve comportamento superior ao genótipo de melhor média. O método SSDM teve uma maior amplitude nas observações, apresentando um limite superior nas observações 18% acima do método SSD.

As medidas de posição indicam um agrupamento das observações a direita da média e uma distribuição platicúrtica, com grande heterogeneidade nas famílias para os dois métodos de condução.

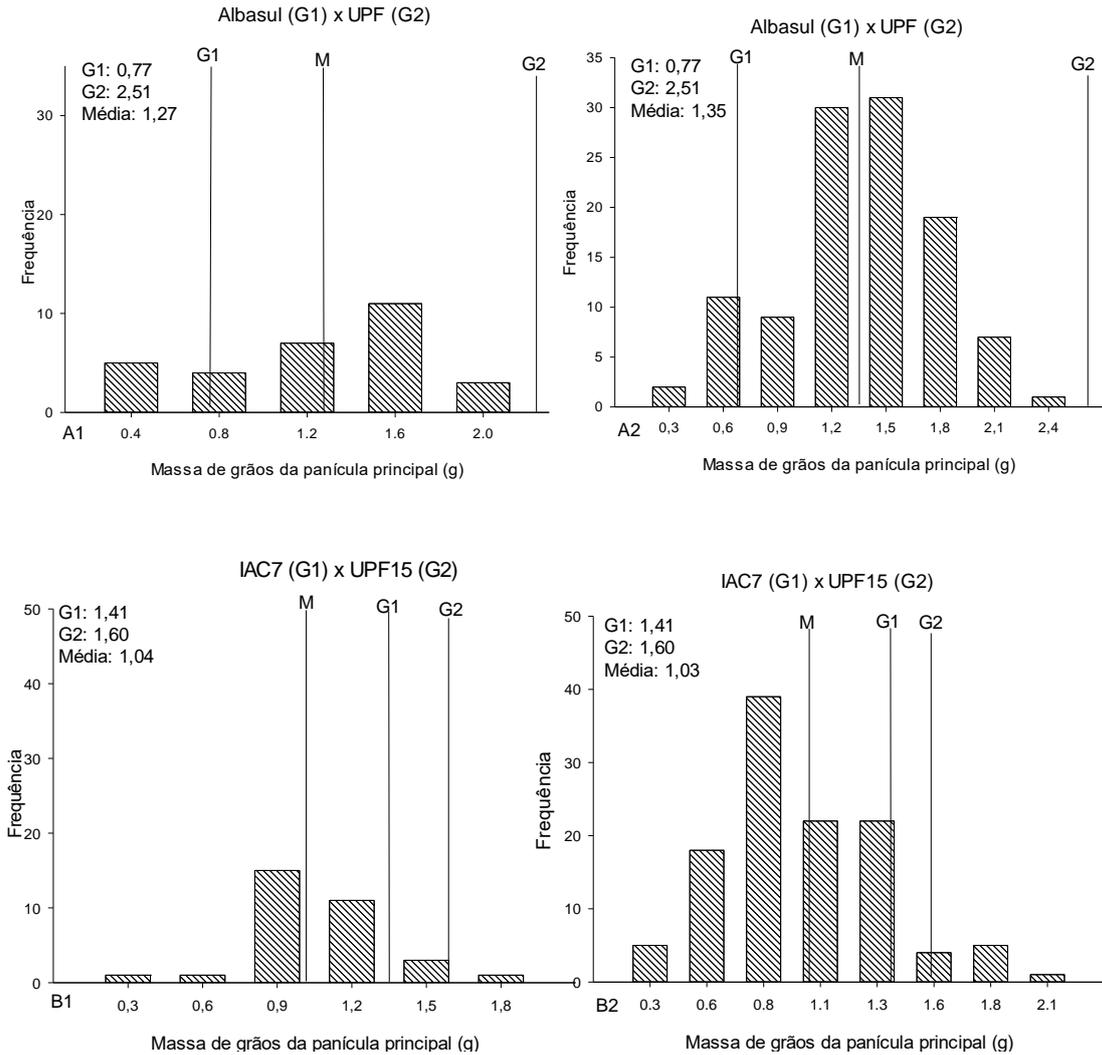


Figura 2.5 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter massa de grãos da panícula principal (MGPP, em gramas), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPEl, 2017.

O cruzamento entre IAC 7 e UFRGS 19 (Tabela 2.2) produziu descendentes com média inferior aos dois genitores. No método SSD a média observada foi de 1,04, variando de 0,29 a 1,81, com a formação de seis classes fenotípicas (Figura 2.4). No segundo método a média foi de 1,03, variando de 0,35 a 2,15, com a formação de oito classes fenotípicas. Em ambos os métodos foi possível obter genótipos transgressivos que tiveram desempenho de até 34% acima do melhor genitor. O método SSDM possibilitou o surgimento de indivíduos com valores maiores em relação ao método SSD, assim como também um maior coeficiente de variação que é resultado da maior amplitude nas observações.

Os coeficientes de assimetria positiva (SSD=0,27, SSDM=0,62) e distribuição leptocúrtica (SSD=1,66, SSDM=0,36) evidenciam uma concentração das

observações a esquerda da média e uma grande homogeneidade nas observações, para ambos os métodos.

Quando observa-se o cruzamento C1 para o caráter número total de grãos (NTG) é possível detectar uma proximidade nas médias, assim como os valores mínimos e máximos entre os dois métodos (Tabela 2.1). No método SSDM foi observada a formação de nove classes fenotípicas, enquanto que, no método SSD apenas cinco classes foram formadas (Figura 2.5). Em ambas as situações foi possível obter genótipos transgressivos com desempenho de até 63% acima do genitor de melhor média. Assim, também as medidas de posição foram semelhantes, sendo classificadas como assimétrica positiva e distribuição platicúrtica em ambos os métodos, com destaque para o método SSD que apresentou grande heterogeneidade nas observações. O coeficiente de variação foi superior no método SSD, que mesmo contendo um número menor de famílias teve amplitude de observações parecida com o método SSDM.

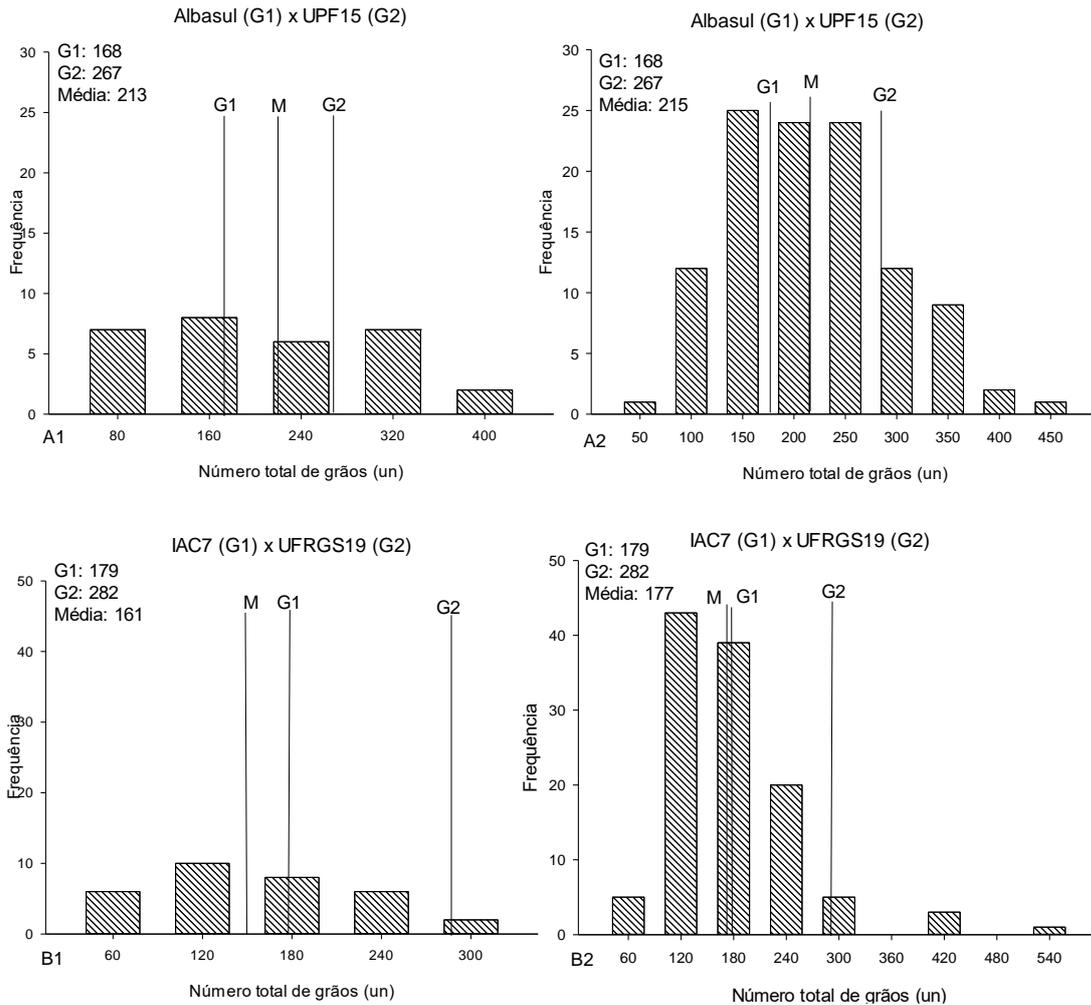


Figura 2.6 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter número total de grãos (NTG, em unidades), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPel, 2017.

Ao analisar o comportamento da progênie resultante do cruzamento C2 (Tabela 2.2) observa-se um melhor desempenho na média das famílias no método SSDM que obteve também uma grande amplitude nas observações gerando genótipos transgressivos com desempenho de uma família de 86% acima do genitor de melhor média. A média das progênies, no entanto, ficou abaixo do valor do genitor de menor média em ambos os casos. O método SSD obteve média de 161,46 g, variando de 35 g a 295 g, formando cinco classes fenotípicas. O método SSDM obteve média de 177,92 g, variando de 55 g a 525 g e formando sete classes fenotípicas. Em ambos os métodos a média das famílias teve maior aproximação de G1 (Figura 2.5). Apesar da maior amplitude na variação das observações no método SSDM, os coeficientes de variação foram semelhantes para ambos. O coeficiente de assimetria foi positivo para ambos os métodos, com uma maior concentração de famílias a esquerda da

média. A distribuição foi classificada como platicúrtica para o método SSD, com uma grande heterogeneidade nas famílias e como leptocúrtica para o método SSDM, nesse caso com uma grande homogeneidade nas observações.

A massa total de grãos é o caráter da planta que possui ligação direta com a produtividade da cultura da aveia. Por ser um caráter quantitativo e, portanto, apresentar baixa herdabilidade a seleção deve ser feita de forma indireta nas primeiras gerações ou focados no caráter nas gerações avançadas da população segregante.

O rendimento de grãos na aveia branca é uma característica quantitativa, influenciada por vários caracteres da planta, abrangendo desde a sua estatura, ciclo total de desenvolvimento, componentes de panícula, até seu desempenho frente a estresses bióticos e abióticos (HAWERROTH et al., 2014). Os componentes de panícula como o número de panículas por planta, massa de panícula e massa de mil grãos, definirá o rendimento de grãos de uma cultivar (BENIN et al., 2003; MARCHIORO et al., 2004; DUMLUPINAR et al., 2012).

Para o cruzamento C1 o caráter MTG apresentou médias semelhantes para as famílias em ambos os métodos de condução, ficando acima do genitor de menor média e abaixo do genitor com a melhor média (Tabela 2.1). No método SSD a média foi de 5,75 g, variando de 1,90 g a 11,40 g. O método SSDM teve média de 5,65 g, variando de 0,99 g a 12,61 g. Nas duas situações houve uma grande diferença entre os valores mínimos e máximos das famílias, evidenciando novamente a herança quantitativa desse caráter. Houve a formação de seis classes fenotípicas no método SSD e oito no método SSDM (Figura 2.6), que teve também maior amplitude nas observações, contendo genótipos com médias 56% superiores ao genitor de melhor média.

O coeficiente de assimetria foi classificado como positivo em ambos os métodos (SSD= 0,20, SSDM= 0,41), onde houve uma concentração maior de famílias a esquerda da média. A distribuição foi classificada como platicúrtica no método SSD (-0,96), devido a grande heterogeneidade nas observações e mesocúrtica para o método SSDM (0,07), tendendo a uma distribuição normal das observações.

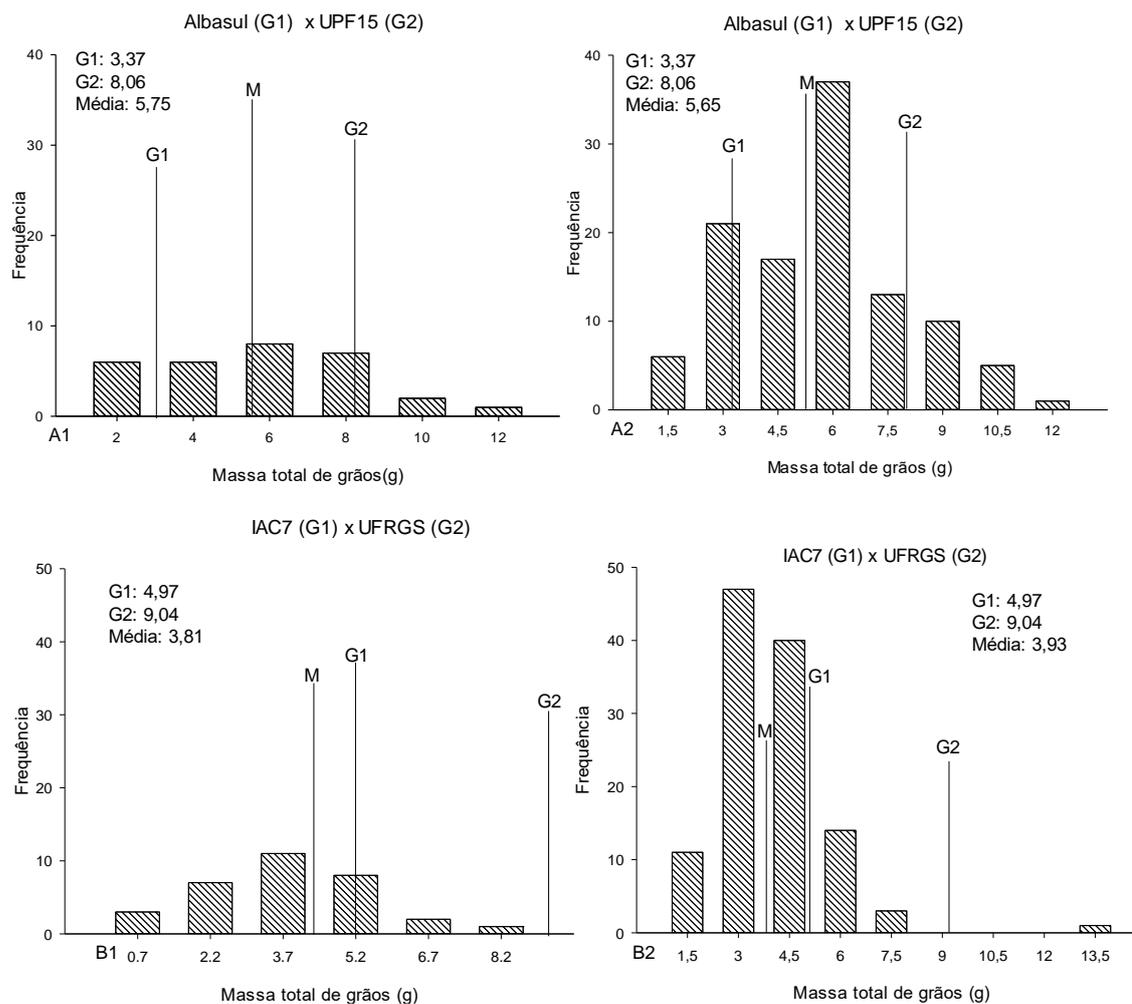


Figura 2.7 Distribuição de frequências em famílias de aveia branca em dois cruzamentos, sob dois métodos de condução, para o caráter massa total (MTG, em gramas), obtido a partir da amostragem e mensuração de 1800 plantas. A1 e B1= SSD Clássico; A2 e B2 = SSD Modificado. CGF/FAEM/UFPel, 2017.

No cruzamento IAC 7 e UFRGS 19, embora tenham gerado genótipos transgressivos para o caráter MTG, ambos os métodos apresentaram desempenho médio inferior aos dois genitores. No método SSD a média foi de 3,80 g, variando de 0,42 g a 8,16 g (Tabela 2.2), com a formação de seis classes fenotípicas (Figura 2.6). No método SSDM a média observada foi de 3,93 g, variando de 1,24 g a 13,25 g, com a formação de seis classes fenotípicas. É notável que o método SSDM proporcionou uma média superior ao método SSD e com um teto produtivo superior. No primeiro método nenhuma família teve desempenho superior ao genitor com melhor média para o caráter. Já no método SSDM com a elevação do teto produtivo houve famílias que tiveram produção 46% superior ao genitor de maior média para o caráter.

As medidas de posição revelam assimetria positiva (SSD= 0,38, SSDM=1,94) e distribuição leptocúrtica (SSD= 0,92, SSDM= 9,29) para ambos os métodos de condução, evidenciando uma maior concentração das famílias a esquerda da média e uma grande homogeneidade nas observações. O coeficiente de variação foi semelhante para ambos os casos.

Para a maioria dos caracteres avaliados nesse trabalho o método SSDM proporcionou uma maior amplitude entre os valores máximos e mínimos. Para o programa de melhoramento esse pode ser fator determinante para obtenção de uma cultivar com bons índices de produtividade.

O método SSD apresentou valores similares ou superiores nos coeficientes de variação para ambos os cruzamentos. Esse resultado é devido ao número reduzido de famílias avaliadas no método. Dessa forma não é possível afirmar que este método apresenta a mesma variação que o método SSDM, que por sua vez engloba um número superior de famílias.

A progênie do cruzamento C2 teve desempenho médio inferior aos dois genitores para os caracteres EST, GPP, MGPP, NTG e MTG, demonstrando assim uma eficiência menor em gerar genótipos transgressivos positivos. Em contraponto a progênie do cruzamento C1 teve desempenho médio acima de ao menos um dos genitores para todos os caracteres avaliados.

As informações sobre o controle genético dos caracteres auxiliam o melhorista na tomada de decisão. O objetivo do estudo da variação é a sua divisão em componentes atribuídos a diversas causas. A magnitude desses componentes é quem determina as propriedades genéticas da população (FALCONER, 1981).

A variância fenotípica (σ^2_F) é composta por dois componentes, onde o primeiro é a variância de ambiente (σ^2_E) e o segundo a variância genotípica (σ^2_G), que permitem assim, evidenciar a variabilidade genética da população em estudo (RAMALHO et al., 2012). A inferência da variância genética (σ^2_G) é realizada com intuito de compreender a estrutura genética envolvida entre as progênies segregantes, sendo determinada por efeitos aditivos e não aditivos (BALDISSERA et al., 2014). A obtenção dos componentes de variância tem sido amplamente usada no melhoramento genético, pois permite, por intermédio dos delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir da avaliação fenotípica (CRUZ et al., 2012)

Para estimar os componentes de variância e herdabilidades no método SSD Clássico (SSD) foram avaliadas 30 famílias nos dois cruzamentos. Cada família é resultante da média de seis plantas.

O caráter estatura de plantas é alvo de constante avaliação nos programas de melhoramento, devido a sua correlação com o acamamento de plantas. Nesse sentido os programas de melhoramento visam a diminuição da estatura nos genótipos de avaliação (OLIVEIRA et al., 2011).

No estudo do caráter EST a avaliação dos componentes de variância (Tabela 2.3) revela que 85% da variação fenotípica entre as famílias é devido a fatores genéticos enquanto que, para a variação fenotípica dentro das famílias a influência foi de 53%. É possível observar que, ainda existe grande variação genotípica dentro das famílias para o caráter, provavelmente causado pelo grande contraste existente entre os genitores.

Tabela 2.3 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agrônômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidas no método SSD Clássico. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.

Componentes variância e Parâmetros	EST		PP		GPP	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2
σ^2Fe	79,63	42,94	1,80	1,69	231,87	158,53
σ^2Fd	36,08	23,04	0,91	0,55	63,95	71,47
σ^2Ee	11,12	19,07	0,23	0,04	40,85	5,15
σ^2Ed	16,61	20,22	0,78	0,42	33,35	30,52
σ^2Ge	68,51	23,87	1,56	1,65	191,02	153,38
σ^2Gd	19,48	2,82	0,13	0,13	30,60	40,95
h^2Ae	0,86	0,56	0,87	0,97	0,82	0,97
h^2Ad	0,54	0,12	0,14	0,24	0,48	0,57
h^2re	0,62	0,50	0,81	0,90	0,70	0,72
h^2rd	0,01	0,01	0,01	0,02	0,02	0,01

Coefficiente de endogamia= 0,9843

Nº de repetição dos genitores= 3

Observação dentro da família= 6

C1: Albasul x UPF15; C2: IAC7 x UFRGS19; EST= Estatura de plantas, em centímetros; PP= Panículas por planta, em unidades; GPP= Grãos da panícula principal, em unidades; σ^2Fe = variância fenotípica entre; σ^2Fd = variância fenotípica dentro; σ^2Ee = variância de ambiente entre; σ^2Ed = variância de ambiente dentro; σ^2Ge = variância genotípica entre; σ^2Gd = variância genotípica dentro; h^2Ae = herdabilidade ampla entre; h^2Ad = herdabilidade ampla dentro; h^2re = herdabilidade restrita entre; h^2rd = herdabilidade restrita dentro.

O cruzamento C2 demonstra que 55% da variância fenotípica entre as famílias é de origem genética, enquanto que dentro das famílias houve o predomínio (87%) da

variação devido aos fatores de ambiente. A baixa variação genética entre as famílias neste caráter pode ser devido a pequena diferença entre os dois genitores, e dessa forma, é visível que dentro das famílias existe uma grande homogeneidade.

A herdabilidade é uma das principais propriedades de um caráter, evidenciando a confiança do valor fenotípico como guia para quantificar o valor genético, indicando assim a fração herdável que será transmitida dos genitores à progênie (FALCONER; MACKAY, 1996; CARVALHO et al., 2001). As estimativas de herdabilidade podem definir as melhores estratégias de seleção de famílias superiores e expressar a representatividade dos valores genéticos em relação aos fenotípicos.

A herdabilidade pode ser estimada de duas formas: no sentido restrito e sentido amplo. O primeiro caso considera a variância genética aditiva, que é fixada na população com o avanço das gerações (RAMALHO et al., 2012). Dessa forma, a herdabilidade no sentido restrito é mais importante para plantas autógamas onde com o passar das gerações ocorre um aumento da variância de aditividade e diminuição da variância devido aos desvios de dominância (RAMALHO; VENCOSKY, 1978). A herdabilidade no sentido amplo por sua vez, está relacionada com a variância genética total que compreende os efeitos aditivos e não aditivos de um caráter (RAMALHO et al., 2012). Valores de herdabilidade maiores que 0,5 são considerados altos, valores entre 0,15 e 0,5 e menores que 0,15 são considerados de valores médios e baixos, respectivamente (RESENDE, 1995).

A herdabilidade no sentido amplo entre as famílias no primeiro cruzamento foi de 0,86 e de 0,62 no sentido restrito, viabilizando ainda a seleção de genótipos para o caráter estatura de plantas (Tabela 2.3). O segundo cruzamento apresenta valores menores de herdabilidade entre as famílias no sentido amplo (0,56) e por consequência no sentido restrito (0,50). Dessa forma, a seleção de genótipos nesse cruzamento será menos eficiente. A seleção dentro das famílias não é indicada, pois a herdabilidade no sentido restrito é extremamente baixa para os dois cruzamentos. Isso se deve a grande similaridade das plantas dentro das famílias.

Herdabilidades altas em famílias F_3 e F_4 foram observados por Mittelman et al. (2001). Em gerações avançadas de famílias de aveia branca também foram encontrados valores altos de herdabilidade para o caráter estatura de plantas entre famílias (AHMED et al., 2013; KRISHNA et al., 2013; NIRMALAKUMARI et al., 2013). Silveira (2015) em estudo com famílias F_4 e F_5 de aveia branca também observou altos valores para herdabilidade entre as famílias.

Para o caráter PP (Tabela 2.3), no cruzamento C1, 87% da variação fenotípica foi decorrente da variância genética (σ^2_{Ge}). Em contrapartida, dentro das famílias, o cruzamento demonstrou que a variação fenotípica foi em 14% devido a fatores genéticos. Para o cruzamento C2 a contribuição genotípica foi de 97% para esse caráter entre as famílias. Dentro das famílias 24% da variação fenotípica total foi devido a variação genética. A contribuição genética para o fenótipo foi maior entre as famílias para ambos os cruzamentos. Dentro das famílias a maior variação foi devido a ação de ambiente, evidenciando que para ambos os cruzamentos existe pouca variação genética dentro de cada família.

Os valores de herdabilidade entre as famílias no sentido amplo, 0,87, 0,97 e no sentido restrito, 0,81 e 0,90, foram considerados altos para os cruzamentos C1 e C2, respectivamente (Tabela 2.3). A herdabilidade dentro das famílias no sentido amplo foi classificada como baixa para o primeiro cruzamento e média para o segundo cruzamento, sendo que no sentido restrito ambos possuem herdabilidade baixa. O cruzamento C2 apresenta valores mais elevados de herdabilidade, podendo ser devido a uma heterozigose residual neste cruzamento. Em ambos os cruzamentos se observa grande efeito de fatores aditivos na variação entre as famílias. Em estudos envolvendo linhas fixas e populações segregantes de aveia já foram encontrados altos valores de herdabilidade para o caráter panículas por planta entre famílias (NIRMALAKUMARI et al., 2013; VALÉRIO et al., 2013; SILVEIRA, 2015).

Para o caráter GPP (Tabela 2.3), no cruzamento C1, a variância fenotípica entre as famílias foi mais determinada por fatores genéticos (82%). Dentro das famílias a variância genética foi responsável por 48% da variação fenotípica total. No segundo cruzamento a influência genotípica foi de 96% entre as famílias, enquanto que, dentro das famílias a variação genotípica foi responsável por 56% da variação fenotípica total. É possível perceber que o cruzamento C2 proporcionou maior variação genotípica entre as famílias, enquanto que dentro das famílias houve um equilíbrio entre a variação ambiental e genotípica para ambos os cruzamentos.

No cruzamento C1 a herdabilidade ampla entre as famílias foi de 0,82, enquanto que a herdabilidade no sentido restrito foi de 0,70, demonstrando que os efeitos não aditivos tiveram influência na determinação das herdabilidades. A herdabilidade dentro das famílias foi de 0,48 no sentido amplo e 0,02 no sentido restrito. Os dados demonstram que os fatores não aditivos tiveram maior atuação dentro das famílias do que entre as famílias.

O cruzamento entre IAC 7 e UFRGS 19 proporcionou altos valores de herdabilidade no sentido amplo (0,97) e restrito (0,72) entre as famílias, com pouca influência de fatores não aditivos (Tabela 2.3). Na avaliação dentro das famílias foi observada uma herdabilidade de 0,57 no sentido amplo e 0,01 no sentido restrito, evidenciando que os fatores não aditivos foram determinantes para inflar a herdabilidade no sentido amplo dentro das famílias.

O caráter GPP apresentou altas herdabilidades entre as famílias nesse trabalho, concordando com outros estudos (NIRMALAKUMARI et al., 2013; SILVEIRA, 2015). Porém, valores variando de 0,29 a 0,63 também foram descritos (MARCHIORO et al., 2003).

Para o caráter MGPP (Tabela 2.4) observa-se que a variação genotípica no cruzamento C1 foi responsável por 79% de toda variação fenotípica observada entre as famílias. Quando analisado o comportamento dentro das famílias se observa que a variação total dentro foi em 46% de origem genética. É possível notar que ainda existe variação dentro das linhas avaliadas.

Para o segundo cruzamento, 86% de toda variação fenotípica foi devida a variância genética entre as famílias (Tabela 2.4). A variação fenotípica dentro das famílias teve influência genética de 39%. É possível notar que o segundo cruzamento possui valor menor de variância fenotípica, principalmente devido a uma menor variação genotípica. No entanto, a proporção da influência genotípica é maior que no primeiro cruzamento.

A herdabilidade no sentido amplo se revela alta (0,96), para o caráter, entre as famílias e média (0,46) dentro das famílias. Para a herdabilidade no sentido restrito, entre e dentro, os valores foram 0,83 e 0,02, respectivamente, demonstrando que os altos valores da herdabilidade no sentido amplo foram inflacionados principalmente pelo ambiente dentro das linhas.

O segundo cruzamento apresentou em termos gerais valores menores de herdabilidade. A herdabilidade ampla (0,87) e restrita (0,71) entre as famílias demonstra que os efeitos aditivos são responsáveis pelos seus altos valores. Dentro das famílias podemos notar que os efeitos não aditivos tiveram maior influência e a seleção não seria eficiente.

A alta herdabilidade entre as famílias considerando o peso de panícula também foi observada em diferentes populações F₂ de aveia branca (VALÉRIO et al., 2013). Em estudo com 21 genótipos fixos de aveia branca também foram observados altos

valores de herdabilidade (NIRMALAKUMARI et al., 2013). Altas magnitudes de herdabilidade também foram observadas entre famílias nas gerações F₄ e F₅ por Silveira (2015).

O caráter NTG (Tabela 2.4), importante componente de rendimento, apresentou uma influência de 80% da variância genotípica sobre a variância fenotípica entre as famílias do cruzamento C1. A variância genotípica também teve grande influência dentro das famílias, sendo responsável por 75% da variação fenotípica total. O segundo cruzamento apresenta variação genotípica responsável por 97% do total da variação fenotípica entre as famílias. A variação fenotípica dentro das famílias, por sua vez, teve influência de genética de apenas 11%. É possível notar que, o segundo cruzamento foi mais eficiente em fixar o caráter na população segregante, apresentando uma maior estabilidade dentro das famílias.

Para o cruzamento C1 a herdabilidade no sentido amplo foi considerada alta entre (0,81) e dentro (0,75) das famílias, enquanto que, para o sentido restrito apenas entre famílias apresenta herdabilidade alta. Os valores evidenciam que entre as famílias há o efeito principalmente de efeitos aditivos, enquanto que, dentro das famílias observa-se que houve grande efeito não aditivo.

O segundo cruzamento apresenta alta herdabilidade no sentido amplo entre as famílias (0,98) e baixa dentro das famílias (0,10). A herdabilidade no sentido restrito é considerada alta (0,97) entre as famílias e baixa (0,05) dentro das famílias. O alto valor de herdabilidade no sentido restrito possibilita ao melhorista uma maior confiança ao efetuar a seleção através deste caráter, com grande possibilidade de ser transmitida para a próxima geração. Altas magnitudes de herdabilidade entre as famílias também foram encontrados em estudo envolvendo famílias F₄ e F₅ de dois cruzamentos de aveia branca (SILVEIRA, 2015).

O caráter MTG (Tabela 2.4) responsável por expressar o rendimento das famílias teve 94% de influência genotípica na variação fenotípica entre as famílias do cruzamento C1. Dentro das famílias a variação genotípica teve influência de 7%. O efeito da variância genética foi de 96% sobre a variância fenotípica entre as famílias. A variação dentro das famílias teve influência de 50% dos fatores genéticos. O cruzamento C2 apresenta variância fenotípica 64% menor em comparação com o primeiro cruzamento, devido principalmente a menor variância genética. É possível notar também que o cruzamento C2 demonstra ainda grande variação genética dentro das famílias.

A herdabilidade no sentido amplo foi classificada como alta para os dois cruzamentos ($C1=0,94$ e $C2=0,97$), com valores bastante aproximados de herdabilidade no sentido restrito ($C1= 0,94$ e $C2=0,90$). Este fato aliado com a avaliação dos componentes de variância indicam que o caráter pode ser usado com segurança para seleção de genótipos superiores. A herdabilidade no sentido amplo (0,07) e restrito (0,06) dentro das famílias foi extremamente baixo no cruzamento C1. O segundo cruzamento apresenta herdabilidade alta (0,51) no sentido amplo, porém, no sentido restrito, considerando apenas os efeitos aditivos o valor foi muito menor (0,04). Dessa maneira a seleção dentro das famílias não seria eficiente para nenhum dos cruzamentos nesta geração.

Tabela 2.4 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agrônômica em dois cruzamentos de aveia branca, conduzidas no método SSD Clássico. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.

Componentes variância e Parâmetros	MGPP		NTG		MTG	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2
σ^2Fe	0,23	0,08	10855,09	4470,64	7,42	2,64
σ^2Fd	0,07	0,04	1520,71	713,68	0,96	0,42
σ^2Ee	0,01	0,01	2081,55	91,61	0,44	0,09
σ^2Ed	0,04	0,02	373,458	640,17	0,90	0,21
σ^2Ge	0,22	0,07	8773,54	4379,03	6,98	2,55
σ^2Gd	0,03	0,01	1147,25	73,51	0,06	0,21
h^2Ae	0,96	0,87	0,81	0,98	0,94	0,97
h^2Ad	0,46	0,40	0,75	0,10	0,07	0,51
h^2re	0,83	0,71	0,71	0,97	0,94	0,90
h^2rd	0,02	0,01	0,04	0,05	0,06	0,04

Coeficiente de endogamia= 0,9843

Nº de repetição dos genitores= 3

Observação dentro da família= 6

C1: Albasul x UPF15; C2: IAC7 x UFRGS19; MGPP= Massa de grãos da panícula principal, em gramas; NTG= Número total de grãos, em unidades; MTG= Massa total de grãos, em gramas; σ^2Fe = variância fenotípica entre; σ^2Fd = variância fenotípica dentro; σ^2Ee = variância de ambiente entre; σ^2Ed = variância de ambiente dentro; σ^2Ge = variância genotípica entre; σ^2Gd = variância genotípica dentro; h^2Ae = herdabilidade ampla entre; h^2Ad = herdabilidade ampla dentro; h^2re = herdabilidade restrita entre; h^2rd = herdabilidade restrita dentro.

Para estimar os componentes de variância e herdabilidades no método SSD Modificado (SSDM) foram avaliadas 110 famílias de cada cruzamento. De cada família foram coletadas seis plantas que compuseram a média da família.

Ao analisar o caráter EST no cruzamento C1 (Tabela 2.5) observamos que a variância fenotípica foi influenciada em 80% pela variação genotípica entre as famílias. Já ao observar a variação dentro das famílias a variação genotípica teve influência de 50% sobre o fenótipo. O cruzamento C2 apresentou variância fenotípica entre as

famílias com 75% da variação devido a fatores genéticos. Dentro das famílias a variação teve influência genética de 63%. Em ambos os cruzamentos ainda é possível observar forte variação genotípica dentro das famílias.

Para o primeiro cruzamento a herdabilidade no sentido amplo demonstrou-se alta (0,81) entre as famílias e também alta dentro das famílias (0,51). A herdabilidade no sentido restrito que leva em consideração apenas os efeitos aditivos se revela alta entre (0,52) e baixa dentro (0,01) das famílias. Assim fica evidente o efeito não aditivo atuando sobre as famílias. Para o segundo cruzamento a herdabilidade no sentido amplo entre as famílias foi classificada como alta (0,75) e média (0,37) dentro das famílias. Para as herdabilidades no sentido restrito observa-se herdabilidade alta (0,61) entre as famílias e baixa (0,01) dentro das famílias. Para esse cruzamento os efeitos aditivos foram determinantes na variação entre as famílias. Fica evidente o efeito da dominância ou epistasia atuando na variação genotípica dentro das famílias, uma vez que levando em consideração a variação aditiva a herdabilidade restrita se mostrou muito baixa.

Quando avalia-se as famílias oriundas do método SSDM para o caráter PP (Tabela 2.5), o primeiro cruzamento apresenta ação de 81% da variância genética sobre o fenótipo avaliado, enquanto que dentro das famílias a variação genotípica teve influência de 24% sobre a variação fenotípica total. Para o segundo cruzamento a variância fenotípica teve influência de 95% da variância genotípica entre as famílias. Dentro das famílias a variação genética teve influência de 24% sobre a variação fenotípica total. É possível notar que a variação genética dentro da família é pequena para ambos os cruzamentos.

A herdabilidade ampla entre as famílias para o primeiro cruzamento foi de 0,82, enquanto que, a herdabilidade no sentido restrito foi de 0,64, demonstrando grande efeito aditivo na variação das famílias. Para o segundo cruzamento, a herdabilidade entre as famílias no sentido amplo foi de 0,96 e para o sentido restrito foi de 0,19, evidenciando que a seleção através deste caráter não será eficiente, pelo grande efeito não aditivo. O comportamento dentro das famílias variou para os dois cruzamentos. Para cruzamento C1 a herdabilidade no sentido amplo e restrito foram baixas, enquanto que, para o segundo cruzamento a herdabilidade no sentido amplo foi considerado alta, porém, no sentido restrito também foi classificada como baixa. Para esse caráter, nos dois cruzamentos não é viável a seleção dentro das famílias. A seleção entre as famílias só será eficiente no segundo cruzamento.

Tabela 2.5 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agrônômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidos sob o método SSD modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.

Componentes variância e Parâmetros	EST		PP		GPP	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2
σ^2Fe	57,14	76,71	1,27	0,99	242,30	166,32
σ^2Fd	33,63	31,87	1,02	1,19	167,51	107,66
σ^2Ee	11,12	19,07	0,23	0,04	40,85	5,15
σ^2Ed	16,61	20,22	0,78	0,42	33,35	30,52
σ^2Ge	46,02	57,64	1,04	0,94	201,45	161,17
σ^2Gd	17,02	11,65	0,24	0,77	134,16	77,14
h^2Ae	0,81	0,75	0,82	0,96	0,83	0,97
h^2Ad	0,51	0,37	0,23	0,65	0,80	0,72
h^2re	0,52	0,61	0,64	0,19	0,29	0,52
h^2rd	0,01	0,01	0,01	0,001	0,003	0,01

Coefficiente de endogamia= 0,9843

Nº repetição dos genitores= 3

Observação dentro da família= 6

C1: Albasul x UPF15; C2: IAC7 x UFRGS19; EST= Estatura de plantas, em centímetros; PP= Panículas por planta, em unidades; GPP= Grãos da panícula principal, em unidades; σ^2Fe = variância fenotípica entre; σ^2Fd = variância fenotípica dentro; σ^2Ee = variância de ambiente entre; σ^2Ed = variância de ambiente dentro; σ^2Ge = variância genotípica entre; σ^2Gd = variância genotípica dentro; h^2Ae = herdabilidade ampla entre; h^2Ad = herdabilidade ampla dentro; h^2re = herdabilidade restrita entre; h^2rd = herdabilidade restrita dentro.

Quando se observa os componentes de variância no cruzamento C1 para o caráter GPP (Tabela 2.5), 83% das variações fenotípicas entre as famílias tiveram origem genética, enquanto que dentro das famílias essa influência foi de 80%. Observa-se que apesar do alto grau de homozigose em que as famílias se encontram ainda existe variação dentro das famílias. Os valores de herdabilidade no sentido amplo foram considerados altos tanto para entre as famílias quanto para dentro das famílias. A herdabilidade no sentido restrito foi considerada média entre as famílias (0,29) e baixa dentro das famílias (0,003). A discrepância entre os valores das herdabilidade no sentido amplo e restrito mostram que é necessária cautela na seleção de genótipos superiores por esse caráter, pois ainda é possível observar a influência de efeitos não aditivos na variação entre as famílias.

Para o cruzamento C2 a influência genotípica no fenótipo foi de 96% entre as famílias, enquanto que, dentro das famílias a influência da variância genética foi de 76%. A exemplo do primeiro cruzamento essa combinação também apresenta grande variação genotípica dentro das famílias. A herdabilidade no sentido amplo entre as famílias foi de 0,97 e no sentido restrito de 0,52, apresentando 45% de efeito de fatores não aditivos, e, portanto, não herdáveis no primeiro caso. Dentro das famílias

a herdabilidade no sentido amplo foi de 0,72, enquanto que, no sentido restrito foi de 0,01 evidenciando assim que, os efeitos não aditivos tiveram grande influência na variação dentro das famílias.

Analisando o cruzamento C1 para o caráter MGPP (Tabela 2.6) observamos que 95% da variação fenotípica entre as famílias é oriunda de fatores genéticos, enquanto que, dentro da família a influência genética é de 66%. Isto demonstra, novamente, que existe ainda forte variação genética dentro das famílias. O cruzamento apresenta altos valores de herdabilidade no sentido amplo, entre (0,95) e dentro (0,67) de famílias. A herdabilidade no sentido restrito entre as famílias (0,57) é classificado como alta, enquanto que, dentro das famílias (0,01) é baixa. Os efeitos não aditivos continuam exercendo ação sobre a variação existente na população.

O cruzamento C2 apresentou 91% da variação fenotípica entre as famílias devido a fatores genéticos, enquanto que, dentro das famílias a influência genotípica foi de 56%. A herdabilidade no sentido amplo foi de 0,91 entre as famílias e de 0,68 no sentido restrito. Dentro das famílias a herdabilidade no sentido amplo foi de 0,57 e 0,01 no sentido restrito. Os efeitos não aditivos atuam fortemente sobre o caráter, dificultando a seleção, principalmente dentro das famílias.

Tabela 2.6 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agrônômica em dois cruzamentos de aveia branca conduzidos sob o método SSD modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.

Componentes variância e Parâmetros	MGPP		NTG		MTG	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2
σ^2Fe	0,19	0,12	7601,01	5383,69	5,13	2,53
σ^2Fd	0,11	0,05	4707,49	2920,90	2,98	0,55
σ^2Ee	0,01	0,01	2081,55	91,61	0,44	0,09
σ^2Ed	0,04	0,02	373,46	640,19	0,90	0,21
σ^2Ge	0,18	0,11	5519,46	5292,08	4,68	2,44
σ^2Gd	0,073	0,03	4334,03	2280,71	2,07	0,34
h^2Ae	0,95	0,91	0,73	0,98	0,91	0,97
h^2Ad	0,67	0,5	0,92	0,78	0,70	0,62
h^2re	0,57	0,68	0,17	0,57	0,52	0,84
h^2rd	0,01	0,01	0,002	0,01	0,01	0,03

Coeficiente de endogamia= 0,9843

Nº repetições genitores= 3

Observação dentro da família = 6

C1: Albasul x UPF15; C2: IAC7 x UFRGS19; MGPP= Massa de grãos da panícula principal, em gramas; NTG= Número total de grãos, em unidades; MTG= Massa total de grãos, em gramas; σ^2Fe = variância fenotípica entre; σ^2Fd = variância fenotípica dentro; σ^2Ee = variância de ambiente entre; σ^2Ed = variância de ambiente dentro; σ^2Ge = variância genotípica entre; σ^2Gd = variância genotípica dentro; h^2Ae = herdabilidade ampla entre; h^2Ad = herdabilidade ampla dentro; h^2re = herdabilidade restrita entre; h^2rd = herdabilidade restrita dentro.

Para o caráter NTG no cruzamento C1 se observa uma influência de 72% por fatores genéticos na variância fenotípica entre as famílias (Tabela 2.6). Dentro das famílias se observa que a variação genotípica foi responsável por 92% da variação total, demonstrando assim que ainda existe grande variação dentro das famílias. Esse fato se deve a grande amplitude de observação do caráter, mesmo entre plantas da mesma família. A herdabilidade no sentido amplo entre (0,92) e dentro (0,73) de famílias é considerada alta, porém, a herdabilidade no sentido restrito é baixa para ambos, evidenciando assim que os fatores não aditivos ainda estão inflacionando a variação entre e dentro das famílias.

Para o cruzamento C2 a variação fenotípica entre as famílias foi composta por 98% de variação genotípica. Dentro das famílias 78% da variação fenotípica foi determinada por fatores genéticos. Nota-se que para os dois cruzamentos existe grande variação de origem genética dentro das famílias.

A herdabilidade no sentido amplo foi classificada como alta entre (0,98) e dentro (0,78) das famílias. A herdabilidade no sentido restrito se revela alta entre as famílias (0,57) e baixa dentro das famílias (0,01). Para este cruzamento se observa novamente efeitos não aditivos inflacionando a herdabilidade no sentido amplo.

Para o caráter MTG (tabela 2.6) os dois cruzamentos tiveram valores distintos nas variâncias, porém, apresentam a mesma proporção de influência das variações genotípicas no fenótipo das famílias avaliadas. Entre as famílias a variação fenotípica teve influência de 91% das variações genotípicas para ambos os cruzamentos. Para as variações dentro de famílias a variância genotípica teve influência de 69% sobre o fenótipo para ambos os cruzamentos também. É possível notar uma forte variação dentro dos genótipos, apesar das famílias estarem com alto nível de homozigose.

Em relação a herdabilidade, ambos os cruzamentos apresentam altas herdabilidades ampla e restrita entre as famílias. O cruzamento C1 apresentou maior efeito não aditivo entre as famílias. As herdabilidades dentro das famílias para os cruzamentos C1 e C2 foram de 0,70 e 0,62, respectivamente, sendo que para o sentido restrito ambas as herdabilidades se apresentaram baixas, demonstrando que efeitos não aditivos inflaram a herdabilidade no sentido amplo.

Considerando a herdabilidade restrita entre as famílias para o método SSD observa-se que o cruzamento C1 apresenta os maiores valores nos caracteres EST, MGPP e MTG, enquanto que para os caracteres PP, GPP e NTG o segundo cruzamento apresenta os maiores valores de herdabilidade restrita. Numa avaliação

do método SSDM é possível observar que o cruzamento C2 apresenta maior herdabilidade restrita entre as famílias em comparação com o primeiro cruzamento para os caracteres EST, GPP, MGPP, NTG e MTG. Esse fato se deve provavelmente pelo maior contraste existente no primeiro cruzamento para os caracteres avaliados. Dessa forma pode-se perceber que as modificações no método SSD foram mais benéficas para o segundo cruzamento.

O cruzamento C1 apresenta para ambos os métodos magnitudes superiores nos componentes de variância. Isso se deve em grande parte ao maior contraste entre os genitores para a maioria dos caracteres, levando assim um maior período de tempo para o genótipo fixar o caráter.

Em ambos os cruzamentos, para as duas estratégias de condução (SSD e SSDM) foi verificado que a maior variação é obtida entre as famílias. De fato, este resultado era esperado visto à avançada geração em que se encontram as famílias (F_6).

Ao analisar os caracteres em estudo é possível observar que há valores semelhantes e até superior nas variâncias no método SSD. A princípio este fato pode induzir a conclusão de que mesmo com um menor número de famílias, é elevada a variabilidade mantida. No entanto, é preciso considerar que este resultado é consequência de um menor grau de liberdade utilizado no cálculo da variância, quando se analisa as populações menores (SILVEIRA, 2015).

De forma geral o método SSD Modificado apresenta um maior efeito de fatores não aditivos atuando entre e dentro das famílias, enquanto que no método SSD Clássico esse efeito é menor, onde se observa maior efeito aditivo nas herdabilidades. O efeito de fatores não aditivos são sentidos principalmente dentro das famílias onde encontra-se altos valores de herdabilidade no sentido amplo para a maioria dos caracteres, enquanto que a herdabilidade restrita é extremamente baixa.

1.4 Conclusão

O método SSD Modificado fornece uma maior frequência de indivíduos com maior amplitude nos valores máximos e mínimos para os caracteres estatura de plantas, grãos da panícula principal, massa de grãos da panícula principal, massa total e número total de grãos.

O método SSD modificado aumenta a possibilidade de obter genótipos transgressivos para os caracteres componentes de rendimento.

Os efeitos não aditivos possuem maior efeito na herdabilidade no sentido amplo dentro das famílias para o método SSD Modificado.

A herdabilidade no sentido restrito entre as famílias é maior para o método SSD clássico.

1.5 Referências bibliográficas

AHMED, S.; ROY, A.K.; MAJUMDAR, A.B. Correlation and path coefficient analysis for fodder and grain yield related traits in oats (*Avena sativa* L.). **Annals of Biology**, v. 29, n.1, p. 75-78, 2013.

ALFONSO, C. W. **Características biométricas de colmos e raízes de plantas de cevada e aveia relacionadas à suscetibilidade ao acamamento**. 2004. 112 f. Dissertação (Mestre em Fitotecnia) – Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2004.

BENIN, G.; et al. 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.

BENIN, G.; et al. Estimativas de correlações e coeficientes de trilha como critérios de seleção para rendimento de grãos em aveia. **Revista brasileira de Agrociência**, v.9, n.1, p.09-16, 2003.

BRASIL. Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia. **Indicações técnicas para cultura da aveia**. Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2006. 82p.

CAIERÃO, E.; et al. 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.; et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPEL, 2001. 99p.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa: UFV, 2006. 285p.

DUMLUPINAR, Z.; et al. Correlation and path analysis of grain yield and yield components of some turkish oat genotypes. **Pakistan Journal of Botany**, Pakistan, v.44, n.1, p.321-325, 2012.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. ALMEIDA E SILVA, M.; SILVA, J.C. (Trad.). Viçosa: UFV, 1981.

HARTWIG, I.; et al. Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de interesse em cruzamentos dialélicos de aveia branca. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.12, n.3, p.273-278, 2006.

HARTWIG, I.; et al. Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.2, p.337-345, 2007.

HAWERROTH, M. C.; et al. **Importância e dinâmica de caracteres na aveia produtora de grãos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2014. 56p.

KELLER, M.; et al. Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat x spelt population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.98, n.6-7, p.1171-1182, 1999.

KRISHNA, A.; AHMED, S.; PANDEY, H. C.; BAHUKHANDI, D. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance of oat (*Avena sativa* L.) genotypes for grain and fodder yield. **Agricultural Science Research Journals**, v. 3, p. 56–61, 2013.

KUREK, A. J.; et al. Variabilidade em genótipos fixos de aveia branca estimada através de caracteres morfológicos. **Revista Brasileira Agrociência**, v.8, n.1, p.13-17, 2002.

LÂNGARO, N.C.; CARVALHO, I.Q. **Comissão Brasileira de Pesquisa em aveia: Indicações técnicas para cultura da aveia**. 1.ed. Passo Fundo: Editora UPF, 2014. 136p.

LORENCETTI, C.; et al. ALBASUL – White Oat. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, n.1, p.1–2, 2004.

LORENCETTI, C.; et al. Applicability of phenotypic and canonic correlations and path coefficients in the selection of oat genotypes. **Scientia Agricola**, São Paulo, v.63, n.1, p.11-19, 2006.

LUCHE, H.S. **Estratégias na seleção de genótipos superiores de aveia branca**. 2014. 77f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2014.

MARCHIORO, V.S.; et al. Peso da panícula como critério de seleção indireta, visando o incremento do rendimento de grãos em aveia. **Revista Ceres**, Viçosa, v.51, n.298, p.683-692, 2004.

MISRA, R.C.; et al. Studies on skewness, kurtosis and transgressive variation in M2 populations of rice bean (*Vigna umbelata*) varieties. **Legume Research**, India, v.31, n.2, p.94-99, 2008.

MITTELMANN, A.; CARVALHO, F. I. F. DE; BARBOSA NETO, J. F.; AMARAL, A. L. DO; PANDINI, F. Herdabilidade para os caracteres ciclo vegetativo e estatura de planta em aveia. **Ciência Rural**, v. 31, n. 6, p. 999–1002, 2001.

NIRMALAKUMARI, A.; et al. Trait association and path analysis for grain yield in oat in the western zone of Tamil Nadu. **International Journal of Agricultural Science and Research**, v.3, n.2, p.331-338, 2013.

OLIVEIRA, A.C.; et al. Brisasul: a new high-yielding white oat cultivar with reduced lodging. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.11, n.4, p.370-374, 2011.

RAMALHO, M.A.P.; et al. **Genética na Agropecuária**. Lavras (MG): UFLA, 2012. 555p.

RAMALHO, M.A.P.; VENCOSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e prática**, Lavras, v.2, n.2, p.117-140, 1978.

RASANE, P.; JHA, A.; SABIKHI, L.; KUMAR, A.; UNNIKRIISHNAN, V. S. Nutritional advantages of oats and opportunities for its processing as value added foods - a review. **Journal of Food Science and Technology**, 2013.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

STANSFIELD, W.D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958p.

SILVEIRA, S.F.S. **Estratégias de seleção em aveia branca (*Avena sativa* L.) visando rendimento de grãos e qualidade nutricional**. 2015. 78f. Tese (Doutorado agronomia). Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2015.

SIMIONI, D.; et al. Caracterização química de cariopses de aveia branca. **Alimentos e Nutrição**, Araraquara, v.18, n.2, p.191-196, 2007.

VAISI, H.; GOLPARVAR, A.R. Determination of the best indirect selection criteria to improve grain yield and seed weight in oat (*Avena sativa* L.) genotypes. **International Journal of Farming and Allied Sciences**, v.2, n.19, p.747-750, 2013.

VALÉRIO, I.P.; et al. Genetic Parameters for Grain Yield and Its Components in Oat. **Triticeae Genomics and Genetics**, Canadá, v.4, n.2, p.3-11, 2013.

WALDOW, D.A.G. **Progresso genético do rendimento de grãos e caracteres agrônômicos associados em aveia, no programa de melhoramento da UFRGS**. 2012. 212f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2012.

WOLFF, W.M.; FLOSS, E.L. Correlação entre teores de nitrogênio e de clorofila na folha com o rendimento de grãos de aveia branca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.6, p.1510-1515, 2008.

CAPÍTULO III – MÉTODOS ALTERNATIVOS PARA CONDUÇÃO DE FAMÍLIAS SEGREGANTES EM AVEIA BRANCA

3.1 Introdução

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma importante gramínea de inverno que se destaca devido as suas diversas aptidões. Na agricultura o cereal pode ser usado como cobertura vegetal no sistema de semeadura direta, ou como parte de um sistema de rotação de cultura. O cereal também tem destaque no uso como alimento aos animais podendo ser utilizado para a formação de pastagens ou na forma de grãos e na alimentação humana, onde o seu uso vem crescendo de forma contínua (LÂNGARO; CARVALHO, 2014; JAMIL et al., 2016).

A aveia é o sétimo cereal em área cultivada no mundo e o quinto em produção no Brasil. No país, a cultura se destaca principalmente na região Sul, mas recentemente novas áreas no centro-oeste e no Sudeste estão sendo cultivadas com o cereal (CONAB, 2017; FAOSTAT, 2015). A produção e área cultivada tiveram um aumento superior a 50% em 2016 em comparação com a safra anterior. Outro fator que gera aumento no consumo são suas características nutricionais, qualidade proteica, proporção lipídica e fibras alimentares (SIMIONI et al., 2007). O cereal é considerado um alimento funcional, promovendo benefícios como a diminuição de ocorrência de doenças cardiovasculares, diabetes, colesterol elevado, hipertensão e obesidade (CRESTANI et al., 2010; GILISSEN et al., 2016; STENERYD, 2016; LEE et al., 2016).

Visando atender as múltiplas aptidões da aveia branca e possibilitar a expansão no cenário agrícola, os programas de melhoramento necessitam desenvolver e inserir novas cultivares no mercado que atendam estas necessidades. Para isso os programas precisam ser dinâmicos para aproveitar os recursos disponíveis, diminuindo custos e tempo até a obtenção de uma nova cultivar.

Os resultados e a eficiência do programa de melhoramento em agregar caracteres importantes nos genótipos dependem diretamente da escolha do método de condução das famílias segregantes (CARVALHO et al., 2008). Existem vários métodos de melhoramento de plantas autógamas que podem ser adotados para a

condução e seleção em gerações segregantes. Os mais utilizados são o método populacional, genealógico e SSD (*Single Seed Descent*).

O método SSD foi proposto para superar algumas limitações que os métodos genealógico e populacional apresentavam. Uma das principais vantagens do método é a possibilidade de realizar o avanço de mais de uma geração por ano e assim, realizar a seleção em gerações mais avançadas, o que possibilita ganhos genéticos e menor tempo para a obtenção das novas cultivares a custos reduzidos. Este método permite manter a variabilidade genética expressa na população F_2 que é mantida até as gerações mais avançadas de melhoramento (CARVALHO et al., 2008).

Embora cada planta dessa geração seja amostrada, apenas uma semente representará toda a variabilidade de cada indivíduo F_2 . No caso de genitores com características não contrastantes, provavelmente uma semente por planta represente bem a variabilidade. No entanto, no caso de genitores contrastantes essa representatividade pode estar comprometida (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Neste caso, algumas modificações são necessárias e plausíveis para maximizar a eficiência do método.

Considerando que a seleção pretende explorar a variância aditiva e, com isso, atribuir aos caracteres selecionados, no próximo ciclo de seleção, maior potencial, é importante para o melhorista conhecer a eficiência que pode ser alcançada na seleção da população segregante (BERTAN et al., 2004). O potencial de ganho em uma população e suas médias é um dado de grande importância, principalmente quando o caráter é quantitativo (RONZELLI, 1996).

Este trabalho tem como objetivo estimar o ganho de seleção e comparar o desempenho dos componentes do rendimento de grãos em famílias F_6 de aveia branca oriundas de cruzamentos contrastantes e analisar a proposta de modificação do método SSD para o melhoramento de aveia branca.

3.2 Material e métodos

Nesse trabalho foram utilizadas famílias de aveia branca na sexta geração de melhoramento, sendo estas cultivadas na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas – RS, no ano de 2015. Estas famílias descendem dos cruzamentos

entre as cultivares Albasul e UPF 15 (C1) e IAC 7 e UFRGS 19 (C2), conduzidas pelo método SSD clássico e o método alternativo proposto.

Os métodos de seleção adotados foram o SSD clássico, com avanço de seleção de apenas uma semente por planta, e SSD com modificações propostas pelo programa de melhoramento de aveia do Centro de Genômica e Fitomelhoramento FAEM/UFPEl (SILVEIRA, 2015).

Para obtenção das famílias pelo método SSD clássico (SSD) no ano de 2010 ocorreu o cultivo da geração F₂ de ambos os cruzamentos (30 plantas do cruzamento C1 e 30 plantas do cruzamento C2). Foi realizada a coleta de uma semente aleatória de cada planta F₂ para originar a geração F₃. O mesmo procedimento foi repetido até a geração F₅ onde as sementes de uma planta para dar origem a uma nova linha na geração F₆.

Para a condução das famílias pelo método SSD com modificações (SSDM) no ano de 2010 ocorreu o cultivo da geração F₂ de ambos os cruzamentos (30 plantas do cruzamento C1 e 30 plantas do cruzamento C2). Ao final do ciclo, as sementes de cada planta F₂ foram colhidas separadamente e cada planta deu origem a uma linha com dez plantas na geração F₃. Desta linha foram selecionadas de forma aleatória três plantas. Destas, as sementes foram colhidas em *bulk* e deste foi formada uma nova linha com nove plantas na geração F₄. Ao final do ciclo, dentro de cada linha (família) foram avaliadas quatro plantas, aleatoriamente. Com as sementes destas plantas foi procedido como na etapa anterior, dando origem a uma nova linha na geração F₅, na qual quatro plantas foram avaliadas. Para compor a geração F₆ foram usadas as sementes de uma planta F₅. Nessa geração foram colhidas seis plantas aleatoriamente e avaliadas individualmente. No total foram avaliadas 120 famílias em cada cruzamento para esse método.

O delineamento do experimental foi o de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo estas os próprios genitores. O espaçamento utilizado foi de 0,2 m entre linhas e 0,2 m entre plantas.

O preparo do solo da área experimental seguiu as recomendações da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia (CBPA, 2014). Empregou-se o sistema de semeadura direta, com adubação de base de 400 kg ha⁻¹ de NPK na formulação 05-20-20, e a adubação de cobertura com 150 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de Ureia CO(NH₂)₂ no afilhamento. O controle de plantas daninhas, insetos-praga e

fitossanitários foram realizados com o intuito de minimizar as interferências bióticas no experimento.

Os caracteres avaliados foram: estatura da planta (EST), em centímetros (cm), número de panículas por planta (PP), em unidades (un), número de grãos da panícula principal (GPP), em unidades (un), massa de grãos da panícula principal (MGPP), em gramas (g), número total de grãos por planta (NTG), em gramas (g), massa total de grãos por planta (MTG), em gramas (g).

Os dados foram submetidos a análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos para cada caráter em cada método de condução e cruzamento. Também foram obtidos os componentes da variância juntamente com a estimativa de herdabilidade para cada caráter, com o objetivo de estimar os ganhos de seleção em diferentes pressões de seleção utilizando o programa estatístico GENES (CRUZ, 2013).

Para o cálculo do ganho de seleção foi usado a seguinte expressão:

$$GS_{\text{entre}} = h^2_r (i) (\sqrt{V_P})$$

Onde:

GS_{entre} : Ganho de seleção entre

h^2_r : herdabilidade com sentido restrito

i : intensidade de seleção (valor tabelado, de acordo com a pressão de seleção em %)

V_P : variância fenotípica

Para comparar os dois métodos de condução foram utilizados a pressão de seleção de 10% (i : 1,755) e 20% (i : 1,400) para as populações de cada método. Assim para o método SSD foram selecionadas três e seis famílias na pressão de 10% e 20%, respectivamente. Nas famílias conduzidas sob o método SSD modificado foram avaliadas 12 e 24 famílias na pressão de 10% e 20%, respectivamente.

Para obter os componentes de variância e os parâmetros genéticos das famílias conduzidas no método SSD modificado foram formados quatro grupos de 30 famílias cada um. Para cada grupo se realizou o cálculo dos componentes de variância e herdabilidades em separado, sendo posteriormente usado a média desses valores para serem utilizados no cálculo dos ganhos de seleção. O uso das médias para representar os ganhos de seleção no método SSDM se deve a necessidade de igualar as magnitudes dos componentes de variância usados no cálculo dos ganhos de seleção, devido ao número divergente de famílias encontrado em cada método.

A avaliação dos ganhos de seleção foi realizada considerando apenas a seleção entre famílias, que se justifica pelo alto grau de homozigose (98,43%) em que as famílias teoricamente se encontram.

3.3 Resultados e discussão

A análise de variância revelou diferença significativa ($p \leq 0,05$) para todos os caracteres avaliados em ambos os cruzamentos e nos dois métodos de condução.

Na Tabela 2.1 estão os valores relativos aos componentes de variância entre as famílias F_6 para os seis caracteres avaliados. É possível observar que nas famílias conduzidas no método SSD o cruzamento C1 apresentam valores superiores nos componentes de variância em comparação ao segundo cruzamento. Possivelmente esse fato se deve ao maior contraste fenotípico existente entre os genitores do primeiro cruzamento.

Ao analisar as famílias conduzidas no método SSDM foi possível observar que os valores dos componentes de variância se aproximam entre os cruzamentos. Para o caráter EST a variância fenotípica é superior no cruzamento C2. Para a variância genética os caracteres EST, PP e NTG apresentaram maiores magnitudes no cruzamento C2. A aproximação dos valores pode estar atrelada ao maior número de famílias com fenótipos idênticos presentes em ambos os cruzamentos.

Em relação aos métodos de seleção se observa que os caracteres apresentaram comportamento distinto em cada cruzamento. No caráter EST o primeiro cruzamento apresentou variação fenotípica total superior para as famílias do método SSD, muito em função da grande variância genotípica existente entre as famílias. Quando se aumenta as famílias (SSDM) o número de genótipos com características semelhantes aumenta e a variação genotípica por consequência diminui. No cruzamento C2 a variância fenotípica foi superior no método SSDM.

Comportamento similar foi obtido para os caracteres MGPP e NTG que revelam variância fenotípica maior para o primeiro cruzamento (C1) conduzido pelo método SSD. As famílias conduzidas pelo método SSDM oriundas do C2 possuem valores maiores na variação fenotípica. Também se observa que a variância genética atua com maior força para nas famílias do primeiro cruzamento no método SSD, enquanto que no método SSDM essa variação diminui.

Os caracteres PP, GPP e MTG apresentam comportamento semelhante, apresentando variância fenotípica superior nas famílias conduzidas no método SSD. Novamente a variância genética é responsável em proporcionar maior variação entre as famílias.

As herdabilidades com sentido restrito obtidas para o para o cruzamento C1 (Tabela 2.2) revelaram comportamento distinto para os dois métodos de condução. Enquanto que para o método SSD a maior parte das herdabilidades com sentido restrito se classificaram como altas, no método SSDM as herdabilidades na sua grande maioria foram classificadas como médias ou baixas conforme classificação por Resende (1995).

Tabela 3.1 Estimativa de parâmetros para os caracteres de importância agrônômica para os cruzamentos de aveia branca Albasul x UPF 15 e IAC 7 x UFRGS 19 conduzidas no método SSD Clássico e SSD Modificado. CGF-FAEM/UFPEL, 2017.

Componentes de Variância e Parâmetros	SSD											
	EST		PP		GPP		MGPP		NTG		MTG	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
$\sigma^2\text{Fe}$	79,63	42,94	1,80	1,69	231,87	158,53	0,23	0,08	10855,09	4470,64	7,42	2,64
$\sigma^2\text{Ee}$	11,12	19,07	0,23	0,04	40,85	5,15	0,01	0,01	2081,55	91,61	0,44	0,09
$\sigma^2\text{Ge}$	68,51	23,87	1,56	1,65	191,02	153,38	0,22	0,07	8773,54	4379,03	6,98	2,55
	SSDM											
$\sigma^2\text{Fe}$	53,69	77,00	1,12	1,00	181,64	157,77	0,17	0,11	5748,64	5314,63	4,66	2,37
$\sigma^2\text{Ee}$	11,12	19,07	0,23	0,04	40,84	5,14	0,01	0,01	2081,54	91,16	0,44	0,53
$\sigma^2\text{Ge}$	42,57	57,92	0,89	0,95	162,54	153,22	0,16	0,10	3667,09	5223,02	4,22	2,29

SSD= SSD Clássico; SSDM= SSD Modificado; C1= Cruzamento Albasul x UPF 15; C2= Cruzamento IAC 7 x UFRGS 19; EST= Estatura de plantas, em centímetros; PP= Panículas por planta, em unidades; GPP= Grãos da panícula principal, em unidades; MGPP= Massa de grãos da panícula principal, em gramas; NTG= Número total de grãos, em unidades; MTG= Massa total de grãos, em gramas; $\sigma^2\text{Fe}$ = variância fenotípica entre; $\sigma^2\text{Ee}$ = variância de ambiente entre; $\sigma^2\text{Ge}$ = variância genotípica entre.

A estatura de plantas é alvo de constante avaliação pelos programas de melhoramento genético. Isso se deve pela alta associação deste caráter com o acamamento das plantas e indiretamente com o rendimento de grãos. Por esse motivo, são selecionados genótipos com baixa estatura quando associados com outros caracteres agronômicos de interesse (KELLER et al., 1999; HARTWIG et al., 2006).

O caráter EST apresentou os menores percentuais de ganhos genéticos para os caracteres avaliados. O maior ganho genético foi obtido quando se utilizou uma pressão de seleção de 10% para as famílias conduzidas no método SSD. Apesar do baixo percentual de ganho genético, houve a redução de 15,2 cm na estatura média das famílias selecionadas em comparação com a média original das famílias. É possível notar que o método SSD, utilizando a pressão de seleção de 20%, apresentou um diferencial de seleção superior (-13,04) comparado com o método SSDM na pressão de 10% (-12,45).

Quando observa-se o comportamento das famílias do cruzamento C2 é possível notar que o caráter EST possui comportamento diferente dos demais caracteres. O caráter possui os melhores índices de ganho de seleção quando conduzidas sob o método SSDM na pressão de 10% e 20%. O destaque fica para as famílias selecionadas com a pressão de 10% no método SSDM tiveram um ganho de -13,48 cm comparadas com a média original das famílias. Ao analisar as médias das famílias selecionadas o método SSD apresenta melhor desempenho na pressão de seleção de 10% e 20% para o cruzamento C1, enquanto que no cruzamento C2 o método SSDM apresentou melhor desempenho em reduzir a estatura das plantas nas duas pressões de seleção.

Sabendo que são desejados genótipos com menores estaturas visando reduzir os índices de acamamento (HARTWIG et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2011) é possível observar que, para o primeiro cruzamento, o método SSD foi o mais eficiente enquanto que no segundo cruzamento o método SSDM teve melhor desempenho quando usada a pressão de seleção de 10%.

O número de panículas por planta é um caráter que possui grande importância devido a correlação com maiores produtividades em aveia branca. Dessa forma a seleção indireta para esse caráter será eficiente até mesmo nas primeiras gerações (VAISI; GOLPARVAR, 2013; DUMLUPINAR et al., 2012; HARTWIG et al., 2006).

Tabela 2.2 Estimativa do ganho por seleção visando a redução do caráter estatura de plantas (EST) e o incremento nos caracteres panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG), entre famílias F₆ de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF 15.

SSD						
PRESSÃO DE SELEÇÃO 10%						
CARÁTER	DS	h ²	GS	GS%	X _o	X _s
EST	-15,2	0,624	9,78	7,98	122,52	107,32
PP	2,13	0,808	1,9	36,12	5,26	7,39
GPP	21,01	0,699	18,69	40,03	46,69	67,7
MGPP	0,65	0,834	0,698	55	1,27	1,92
NTG	174,54	0,709	129,784	60,79	213,46	388
MTG	4,71	0,939	4,91	78,11	5,75	10,46
SSDM						
EST	-12,45	0,490	5,031	5,015	125	112,55
PP	2,12	0,562	0,836	20,293	5,21	7,33
GPP	26,01	0,318	6,379	16,705	51,14	77,15
MGPP	0,74	0,492	0,287	27,265	1,35	2,09
NTG	157,24	0,062	6,661	4,03	215,08	372,32
MTG	3,95	0,365	1,107	38,127	5,65	9,96
SSD						
PRESSÃO DE SELEÇÃO 20%						
CARÁTER	DS	h ²	GS	GS%	X _o	X _s
EST	-13,04	0,624	7,802	6,360	122,52	109,51
PP	1,88	0,808	2,031	28,810	5,26	7,15
GPP	18,47	0,699	14,911	31,930	46,69	65,16
MGPP	0,57	0,834	0,557	43,860	1,27	1,84
NTG	149,35	0,709	103,531	48,490	213,46	362,81
MTG	3,78	0,939	3,582	62,300	5,75	9,54
SSDM						
EST	-9,89	0,490	6,306	3,998	125	115,11
PP	1,63	0,562	1,048	16,183	5,21	6,84
GPP	21,24	0,318	7,997	13,325	51,14	72,38
MGPP	0,6	0,492	0,360	13,894	1,35	1,95
NTG	122,92	0,062	8,350	3,210	215,08	338
MTG	3,4	0,365	1,388	22,808	5,65	9,05

SSD= Método SSD Clássico; SSDM= Método SSD Modificado; DS – Diferencial de seleção, - Herdabilidade restrita entre; GS= ganho de seleção, GS (%) - ganho de seleção em porcentagem, X_o - Média original, X_s – Média das famílias selecionadas.

Quando observa-se os ganhos de seleção para o caráter PP no cruzamento C1 (Tabela 2.2) é possível notar que o método SSD apresenta desempenho superior ao método SSDM para a pressão de seleção de 10% e 20%. No entanto o desempenho do método SSDM na pressão de 10% para o DS e a média das famílias selecionadas é muito próximo ao primeiro método. Nesse caso devido ao número maior de famílias que estão selecionadas (12) aliado ao desempenho demonstrado, o método SSDM é uma boa alternativa para seleção de genótipos visando o caráter PP. Na pressão de 20% o método SSD foi superior em todos os aspectos avaliados. Quando são avaliadas as médias das famílias selecionadas se observa que o método SSD apresenta valores superiores apesar da pouca diferença para o método SSDM.

No segundo cruzamento (Tabela 2.3) se observa uma grande diferença nos ganhos de seleção entre os métodos avaliados. É possível notar que tanto para a pressão de 10% quanto na pressão de seleção de 20% o método SSD apresenta valor 76% maior no ganho de seleção. Essa diferença se deve em grande parte a diferença que existente entre as herdabilidades, que é maior no método SSD. Quando avaliadas as médias comparando os dois métodos existe uma pequena superioridade para as médias do método SSD. A média das famílias selecionadas na pressão de seleção de 10% apresenta valor 7% maior a média das famílias selecionadas na pressão de 20%.

Na avaliação para ambos os cruzamentos e observando que não há grande diferença entre os métodos em relação as médias das famílias selecionadas é possível indicar o método SSDM, em virtude do maior número de famílias selecionadas, para aumentar os valores do caráter. Dessa forma é possível a seleção de um maior número de genótipos e dessa maneira uma maior chance de agregar caracteres positivos nas famílias selecionadas.

O número de grãos por panícula (GPP) é um componente de rendimento que possui forte influência na produção de grãos de aveia (VAISI; GOLPARVAR, 2013; DUMLUPINAR et al., 2012). Portanto a sua mensuração é importante, para auxiliar na seleção indireta visando maiores produtividades.

Tabela 2.3 Estimativa do ganho por seleção visando a redução do caráter estatura de plantas (EST) e o incremento nos caracteres panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG), entre famílias F5 de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC 7 x UFRGS 19.

SSD						
PRESSÃO DE SELEÇÃO 10%						
CARÁTER	DS	H ²	GS	GS%	X _o	X _s
EST	-12,94	0,495	5,693	4,780	116,92	103,98
PP	2,12	0,904	2,064	41,40	4,90	7,12
GPP	20,68	0,718	15,879	38,270	44,86	65,54
MGPP	0,44	0,705	0,355	29,520	1,04	1,61
NTG	119,78	0,970	113,905	71,090	161,47	283,25
MTG	3,22	0,895	2,552	69,600	3,81	7,02
SSDM						
EST	-13,48	0,594	9,16	8,018	114,85	100,35
PP	1,92	0,353	0,623	9,918	5,10	7,02
GPP	22,03	0,454	10,020	22,218	45,46	69,95
MGPP	0,7	0,616	0,356	34,453	1,03	1,74
NTG	187,23	0,575	73,691	40,270	177,92	339,7
MTG	3,32	0,781	2,114	52,003	3,93	7,13
SSD						
PRESSÃO DE SELEÇÃO 20%						
CARÁTER	DS	H ²	GS	GS%	X _o	X _s
EST	-10,56	0,495	4,542	3,810	116,92	106,36
PP	1,76	0,904	1,647	33,020	4,90	6,66
GPP	17,86	0,718	12,667	30,520	44,86	62,72
MGPP	0,33	0,705	0,284	23,550	1,04	1,37
NTG	98,82	0,970	90,865	56,70	161,47	260,29
MTG	2,40	0,895	2,037	55,510	3,81	6,21
SSDM						
EST	-11,49	0,594	7,309	6,395	114,85	103,36
PP	1,44	0,353	0,497	7,908	5,10	6,54
GPP	18,93	0,454	7,993	17,723	45,46	64,39
MGPP	0,53	0,616	0,284	27,478	1,03	1,56
NTG	110,78	0,575	58,785	32,123	177,92	288,7
MTG	2,34	0,781	1,687	41,478	3,93	6,27

SSD= Método SSD Clássico; SSDM= Método SSD Modificado; DS – Diferencial de seleção, - Herdabilidade restrita entre; GS= ganho de seleção, GS (%) - ganho de seleção em porcentagem, X_o - Média original, X_s – Média das famílias selecionadas.

Para o cruzamento C1 na avaliação do caráter GPP (Tabela 2.2), os ganhos de seleção se apresentam maiores no método SSD para ambas as pressões de seleção (10% e 20%) em função principalmente a alta herdabilidade que este método

apresenta para o caráter. No entanto, quando observamos o DS e a média das famílias selecionadas para as pressões de 10% e 20% se destaca o método SSDM que se revelam superiores.

No segundo cruzamento (C2) (Tabela 2.3) se repete o comportamento onde o método SSD apresenta valor maior nos ganhos de seleção na pressão de 10% e 20% (41% superior), no entanto o método SSDM apresentou maior DS nos dois casos. As médias das famílias selecionadas revelam uma média superior naquelas conduzidas no método SSDM.

É visível que maiores ganhos de seleção apresentados pelo método SSD não refletiram em aumento nas médias das famílias selecionadas. Porém como pode-se observar na tabela 2.2 e 2.3 o maior ganho de seleção do método SSD é devido a maiores índices de herdabilidade restrita entre as famílias. Essa informação não pode ser negligenciada pelo melhorista no momento de escolher o método a ser usado no programa de melhoramento pois pode ser decisiva em transmitir o caráter na próxima geração.

A identificação de genótipos com altos valores de massa de panícula possibilita a seleção de genótipos com altos rendimentos através da seleção indireta (CAIERÃO et al., 2001; MARCHIORO et al., 2004; LORENCETTI et al., 2006; VALÉRIO et al., 2013). A massa da panícula também está correlacionada com outros componentes de rendimento, como número de panículas por planta, número de grãos por panícula e massa de grãos da planta (BENIN et al., 2005). A massa dos grãos da panícula corresponde a aproximadamente 80 a 85 % do peso da massa da panícula (CAIERÃO et al., 2001), tornando-se este um importante caráter de estudo para aumento no rendimento.

O cruzamento C1 apresenta ganhos de seleção maiores para MGPP através do método SSD (Tabela 2.2), em função principalmente da alta herdabilidade que apresentou para o caráter estudado. O método SSDM apesar de apresentar menores valores no ganho de seleção possui desempenho superior quando avaliado o DS das famílias selecionadas em relação a média original. O mesmo acontece ao analisar as médias das famílias selecionadas onde se observa que há uma superioridade no método SSDM.

O segundo cruzamento (Tabela 2.3) apresenta valores de ganhos de seleção superiores pelas famílias selecionadas do método SSDM na pressão de seleção de

10% e 20%. O método SSDM também apresenta maiores valores no DS e para as médias das famílias selecionadas.

Dessa forma, para ambos os cruzamentos, o método SSDM apresenta boa performance e mesmo com um número maior de famílias entre as selecionadas mantém boas médias. O número maior de famílias permite ao melhorista um maior número de opções e maior possibilidade de encontrar genótipos que associem o maior número possível de caracteres de interesse.

Quando são avaliadas as médias para o caráter NTG no cruzamento C1 (Tabela 2.2) se observa que o método SSD apresenta os maiores valores nos ganhos de seleção, com 10% e 20% de pressão de seleção. O contraste entre os métodos é bastante grande onde o método SSD apresentou grande superioridade. Também foi observado um DS maior para o primeiro método. Quando são comparadas as médias das famílias selecionadas se observa que o método SSD possui as melhores médias.

Para o segundo cruzamento (Tabela 2.3) se observa um ganho de seleção maior no método SSD, porém quando se observa o DS quem se destaca é o método SSDM com maiores valores. Ao analisar as médias das famílias selecionadas é possível notar que na pressão de seleção de 10% o método SSD apresenta a maior média, enquanto que na pressão de seleção de 20% o método SSDM apresenta maior valor.

A massa total de grãos é o caráter da planta que possui ligação direta com a produtividade da cultura da aveia. Por ser um caráter quantitativo e, portanto, apresentar baixa herdabilidade a seleção deve ser feita de forma indireta nas primeiras gerações ou focados no caráter nas gerações avançadas, quando a população já estiver com maior homogeneidade.

O rendimento de grãos na aveia branca é uma característica quantitativa, influenciada por vários caracteres da planta, abrangendo desde a sua estatura, ciclo total de desenvolvimento, componentes de panícula, até seu desempenho frente a estresses bióticos e abióticos (HAWERROTH et al., 2014). Os componentes de panícula como o número de panículas por planta, massa de panícula e massa de mil grãos, definirá o rendimento de grãos de uma cultivar (BENIN et al., 2003; MARCHIORO et al., 2004; DUMLUPINAR et al., 2012).

Para o cruzamento C1 o método SSD (Tabela 2.2) apresentou melhores ganhos de seleção para o caráter MTG na pressão de 10% e 20%. O mesmo desempenho se repetiu no DS que foi maior no método SSD. As médias das famílias

selecionadas foi maior para o método SSD na pressão de seleção de 10% e 20%. Para o segundo cruzamento (Tabela 2.3) o método SSD segue apresentando maiores valores no ganho de seleção, no entanto nesse caso o DS foi superior para o método SSDM. As médias das famílias selecionadas também foi superior para o método SSDM na pressão de 10% e 20%.

O caráter MTG é um caráter de grande importância na avaliação e seleção de genótipos superiores. Os demais caracteres possuem níveis de correlação e a soma dos caracteres anteriores pode interferir e alterar os níveis de produtividade da cultura. Tendo em vista a importância do caráter e a necessidade de agregar o máximo de caracteres positivos o método SSDM se destaca pois apresenta um maior número de famílias entre as selecionadas, com 10% e 20%, e apresenta valores próximos no primeiro cruzamento e superiores no segundo cruzamento em relação ao método SSD.

Considerando que para a maioria dos caracteres o método SSDM teve médias iguais ou superiores entre as famílias selecionadas para as duas formas de avaliação o método se sobressai e pode ser sugerido para a seleção de genótipos que apresentem bons caracteres agronômicos.

É necessário, no entanto, agregar vários caracteres importantes em um só genótipo para conseguir diferenciar a cultivar no mercado. Além disso, é necessário aliar um bom desempenho produtivo ao produtor com a qualidade exigida pela indústria beneficiadora.

Na tabela 2.4 encontramos as famílias selecionadas dentro de cada método e quais famílias foram destaque para mais de um caráter no cruzamento C1. É possível observar que na pressão de seleção de 10% o método SSDM apresenta sete genótipos que estão entre as famílias selecionadas para quatro caracteres. Enquanto isso o método SSD possui uma família apenas selecionada em quatro caracteres. No entanto o método SSD apresenta uma família que foi selecionada para cinco caracteres, o que não aconteceu no método SSDM. Quando levamos em consideração a pressão de seleção de 20% (Tabela 2.5) observamos que o método SSD possui dois genótipos selecionados para cinco caracteres enquanto que no método SSDM encontramos sete genótipos com essa característica. O método SSDM ainda apresenta cinco genótipos selecionados para quatro caracteres de interesse.

Tabela 2.4 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 10% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F6 de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF15.

SSD						
C1 10%	PP	GPP	MGPP	EST	MTG	NTG
	12	12			12	12
	15				15	
	28	28	28		28	28
SSDM						
C1 10%	PP	GPP	MGPP	MTG	EST	NTG
	5				5	
		17	17	17		17
		18	18	18		18
	19	19		19		19
	29			29		29
		36	36	36		
			38	38		
	43			43		43
	46		46	46		46
		79	79	79		79
	89					89
		91	91	91		91
		92	92	92		92
		97			97	

Legenda:

	Genótipo selecionado em dois caracteres
	Genótipo selecionado em três caracteres
	Genótipo selecionado em quatro caracteres
	Genótipo selecionado em cinco caracteres

C1= Cruzamento C1; SSD= Método SSD Clássico; SSDM = Método SSD Modificado

Levando em consideração a pressão de seleção de 10% o método SSD é o único que apresenta um genótipo presente na seleção para cinco caracteres. Porém existem outros caracteres que precisam ser avaliados para qualificar o genótipo a se tornar uma cultivar. Dessa forma o método SSDM que apresenta sete genótipos selecionados para quatro caracteres, entre eles o caráter MTG, pode ser uma alternativa mais segura. Isso é justificado pela maior segurança em identificar um indivíduo que possua bom comportamento para os demais caracteres não avaliados nesse trabalho. Na pressão de seleção de 20% o método SSDM apresentou um maior

número de genótipos que se destacaram e, portanto, amplia a possibilidade de identificação de genótipos superiores.

É possível observar no cruzamento C1 que as famílias selecionadas para mais de um caráter na sua maioria não estão selecionadas para o caráter estatura de planta. Como é visto existe uma dificuldade aparente em selecionar genótipos que possuam bom potencial de rendimento, associado a uma baixa estatura de planta.

Tabela 2.5 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 20% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F6 de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF15.

SSD						
C1 20%	PP	GPP	MGPP	EST	MTG	NTG
	6			6		6
	10	10			10	
	12	12	12		12	12
	15				15	15
		16	16		16	
		27				27
	28	28	28		28	28
			29		29	
SSDM						
C1 20 %	PP	GPP	MGPP	MTG	EST	NTG
		4	4			
	5			5	5	5
			8	8		
	12	10			12	10
		14			14	
		16				16
	17	17	17	17		17
	18	18	18	18		18
	19	19	19	19		19
		21				21
		27	27			
		28				28
	29			29		29
		36	36	36		36
	38	38	38	38		38
	43	43	43	43		43
	46	46	46	46		46
	48					48
		73			73	

		75	75	
	79	79	79	79
		80	80	
89			89	89
	91	91	91	91
	92	92	92	92
95			95	95
97	97			97
		100	100	
		101	101	
104		104		
106	106	106	106	106

Legenda:

	Genótipo selecionado em dois caracteres
	Genótipo selecionado em três caracteres
	Genótipo selecionado em quatro caracteres
	Genótipo selecionado em cinco caracteres

C1= Cruzamento C1; SSD= Método SSD Clássico; SSDM = Método SSD Modificado

Quando é avaliada a progênie do cruzamento C2 (Tabela 2.6) é visível que o método SSDM na pressão de 10% concentra um maior número de genótipos selecionados para mais de um caráter. O método SSD possui um genótipo selecionado para cinco caracteres e um selecionado para três caracteres. Enquanto isso o método SSDM apresenta um genótipo selecionado para cinco caracteres, dois genótipos selecionados para quatro caracteres e dois selecionados para três caracteres. É possível observar, portanto que o método SSDM oferece um número maior de genótipos com bons caracteres agrônômicos, facilitando a identificação de indivíduos que se destaquem para outros caracteres não avaliados no momento.

Esse mesmo comportamento é repetido na pressão de seleção de 20% (Tabela 2.7) onde o método SSDM apresenta um maior número de genótipos com bons índices agrônômicos. Com destaque para a família 32 que está entre as famílias selecionadas para todos os caracteres avaliados e merece atenção em futuros trabalhos.

Tabela 2.6 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 10% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F6 de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC 7 x UFRGS 19.

SSD						
C2 10%	PP	GPP	MGPP	EST	MTG	NTG
	11	11	11		11	11
	18				18	
		1				1
			17		17	17
SSDM						
C2 10%	PP	GPP	MGPP	MTG	EST	NTG
			14	14		
					26	26
		29				29
	32	32	32	32		
			42	42		42
		45	45			
	46	46		46		46
			49	49		
		50		50		50
	55	55	55	55		55
		80	80			80
	88					88
		89				89
			90	90		
		106				106
	110			110		
			113	113		

Legenda:

	Genótipo selecionado em dois caracteres
	Genótipo selecionado em três caracteres
	Genótipo selecionado em quatro caracteres
	Genótipo selecionado em cinco caracteres

C2= Cruzamento C2; SSD= Método SSD Clássico; SSDM = Método SSD Modificado.

A exemplo do primeiro cruzamento são poucas as famílias que se destacam simultaneamente para estatura de planta e qualquer outro caráter avaliado. Portanto uma avaliação mais criteriosa dos genótipos selecionados é necessária para identificar aqueles que possuam estatura adequada para continuar no programa de melhoramento.

Tabela 2.7 Famílias conduzidas sob o método SSD e SSDM selecionadas na pressão de seleção de 20% para os caracteres estatura de plantas (EST), panículas por planta (PP), grãos da panícula principal (GPP), massa de grãos da panícula principal (MGPP), número total de grãos (NTG) e massa total de grãos (MTG) entre famílias F5 de aveia branca derivadas do cruzamento entre as cultivares IAC 7 x UFRGS 19.

SSD						
C2 20%	PP	GPP	MGPP	EST	MTG	NTG
	1	1				1
		4	4			4
	6			6		
		8	8		8	8
	11	11	11		11	11
		13		13		
	17		17		17	17
	18				18	18
			21		21	
	28				28	
SSDM						
C2 20 %	PP	GPP	MGPP	MTG	EST	NTG
		14	14	14		14
				22		22
	24	24				24
					26	26
	28					28
	29	29	29	29		29
		31	31			
	32	32	32	32	32	32
	35				35	
		37	37	37	37	
			42	42		42
		45	45			
	46	46		46		46
		49	49	49		49
	50	50		50		50
			51	51		
		52	52	52		52
	55	55	55	55		55
			78	78		
		80	80	80		80
			85		85	
	88			88	88	88
		89		89		89
		90	90	90	90	
	96					96
		100		100		100
		101	101			
		106		106		106

110	110	110
	113	113

Legenda:

	Genótipo selecionado em dois caracteres
	Genótipo selecionado em três caracteres
	Genótipo selecionado em quatro caracteres
	Genótipo selecionado em cinco caracteres
	Genótipo selecionado em seis caracteres

C2= Cruzamento C2; SSD= Método SSD Clássico; SSDM = Método SSD Modificado.

3.4 Conclusão

O método SSD modificado é mais eficiente em selecionar genótipos com estatura reduzida e maior número de grãos da panícula principal no cruzamento entre as cultivares Albasul x UPF 15.

Para os caracteres panículas por planta, massa de grãos por panícula, número total de grãos e massa total de grãos o método SSD modificado possibilita a obtenção de um maior número de genótipos superiores.

O método SSDM aumenta o número de genótipos com bons caracteres agronômicos agregados nas gerações avançadas.

3.5 Referências bibliográficas

BENIN, G.; et al. Estimativas de correlações genótípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.3, p.523-529, 2005.

BERTAN, I.; et al. Estimativa do ganho genotípico por meio da seleção em geração segregante de aveia. **Scientia Agraria**, v.5, n.1-2, p.29-33, 2004.

BRASIL. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v.4, n.3, 2017. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 10 jan. 2017.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa: Ed. Viçosa, 2013. 523p.

CAIERÃO, E.; et al. 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.; et al. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. 2.ed. Pelotas: Editora Universitária, 2008.

CRESTANI, M.; et al. Conteúdo de β -glucana em cultivares de aveia-branca cultivadas em diferentes ambientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.3, p.261-268, 2010.

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DUMLUPINAR, Z.; et al. Correlation and path analysis of grain yield and yield components of some turkish oat genotypes. **Pakistan Journal of Botany**, Pakistan, v.44, n.1, p.321-325, 2012.

FAOSTAT - Food and Agriculture Organization of The United Nations data. Production/Crops. Disponível em <<http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx#ancor>>. Acesso em 21 jan. 2017.

GRAFIUS, J. E. Components of yield in oat: A geometrical interpretation. **Agronomy Journal**. Madison, v. 48, p. 419-423, 1956.

GILISSEN, L.J.W.J.; et al.; Why Oats Are Safe and Healthy for Celiac Disease Patients. **Medical Science**, v.4. p.2-9, 2016.

HARTWIG, I.; et al. Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de interesse em cruzamentos dialélicos de aveia branca. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.12, n.3, p.273-278, 2006.

HARTWIG, I.; et al. Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.2, p.337-345, 2007.

HAWERROTH, M.C.; et al. **Importância e dinâmica de caracteres na aveia produtora de grãos**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado. p.56, 2014.

JAMIL, M.; et al. A Review on Multidimensional Aspects of Oat (*Avena sativa*) Crop and Its Nutritional, Medicinal and Daily Life Importance. **World Applied Sciences Journal**, v.34, n.10, p.1269-1275, 2016.

KELLER, M.; et al. Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat x spelt population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.98, n.6-7, p.1171-1182, 1999.

LÂNGARO, N.C.; CARVALHO, I.Q. **Comissão Brasileira de Pesquisa em aveia: Indicações técnicas para cultura da aveia**. 1.ed. Passo Fundo: Editora UPF, 2014. 136p.

LEE, H-C; et al. β -Glucan, but not *Lactobacillus plantarum* P-8, inhibits lipid accumulation through selected lipid metabolic enzymes in obese rats. **Journal Food Biochemistry**, p.1-9, 2016.

LORENCETTI, C.; et al. Applicability of phenotypic and canonic correlations and path coefficients in the selection of oat genotypes. **Scientia Agricola**, São Paulo, v.63, n.1, p.11-19, 2006.

MARCHIORO, V.S.; et al. Peso da panícula como critério de seleção indireta, visando o incremento do rendimento de grãos em aveia. **Revista Ceres**, Viçosa, v.51, n.298, p.683-692, 2004.

OLIVEIRA, A.C.; et al. Brisasul: a new high-yielding white oat cultivar with reduced lodging. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.11, n.4, p.370-374, 2011.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RONZELLI, P. J. **Melhoramento Genético de Plantas**. Graffice Ed. Graf. Ltda. Curitiba, 1996. 219p.

SIMIONI, D.; et al. Caracterização química de cariopses de aveia branca. **Alimentos e Nutrição**, Araraquara, v.18, n.2, p.191-196, 2007.

SOUZA, E.; SORRELLS, M.E. Prediction of progeny variation in oat from parental genetic relationships. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.82, n.2, p.233-241, 1991.

STENERYD, E. **Comparison of cholesterol-lowering effect of β -glucan in cereals and bread**. 2016. 23f. Bachelor Thesis - Agronomy in Food Science. Faculty of Natural Resources and Agricultural Sciences. Uppsala, Suécia, 2016.
2013.

VAISI, H.; GOLPARVAR, A.R. Determination of the best indirect selection criteria to improve grain yield and seed weight in oat (*Avena sativa* L.) genotypes. **International Journal of Farming and Allied Sciences**, v.2, n.19, p.747-750, 2013.

VALÉRIO, I.P.; et al. Genetic Parameters for Grain Yield and Its Components in Oat. **Triticeae Genomics and Genetics**, Canadá, v.4, n.2, p.3-11, 2013.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os programas de melhoramento genético de plantas necessitam de dinamismo frente aos desafios e exigências encontradas na seleção de genótipos superiores. O melhoramento da aveia branca possui a sua complexidade em aliar bom desempenho produtivo com qualidade nutricional. Dessa forma, é necessário que cada programa desenvolva estratégias e métodos que atendam os objetivos com o mínimo de investimento e tempo gasto.

Um dos métodos usados na condução de populações segregantes em aveia branca é o SSD (*Single Seed Descent*). Uma das principais vantagens do método é a possibilidade de realizar o avanço de mais de uma geração por ano e assim realizar a seleção em gerações mais avançadas, possibilitando ganhos em tempo até a obtenção de novas cultivares e redução de custos. Aliado a isso, o método mantém presente a variabilidade existente na geração F₂ em gerações mais avançadas. Porém em alguns casos uma semente pode não ser suficiente para transmitir toda a variabilidade de uma planta F₂ para as próximas gerações.

Dessa forma, este trabalho propõe a utilização do método SSD modificado que aumenta o número de sementes usadas por planta para compor a próxima geração. Assim, torna-se possível aumentar a possibilidade de identificação de genótipos que agreguem vários caracteres importantes.

Na avaliação realizada visando identificar o comportamento das progênies em cada método foi possível identificar que a média geral das famílias é semelhante entre os dois métodos. O método SSDM apresenta maior amplitude entre os valores máximos e mínimos para os caracteres estatura de plantas, grãos da panícula principal, massa de grãos da panícula principal, massa total e número total de grãos. Essa característica possibilita o surgimento de genótipos com maiores tetos produtivos.

Ao avaliar os ganhos de seleção que cada método proporciona para os caracteres avaliados o método SSD se destaca, porém as médias das famílias selecionadas não reflete o mesmo comportamento. O método SSDM apresenta médias superiores entre as famílias selecionadas para os caracteres estatura de plantas e grãos da panícula principal, enquanto que para os outros caracteres as médias entre as famílias selecionadas é semelhante. Dessa forma, o método SSDM

se destaca por possuir um maior número de genótipos com bom desempenho agrônômico.

Quando é feita uma comparação visando identificar qual método apresenta os indivíduos que agreguem o maior número de caracteres de interesse o método SSDM proporciona novamente um aumento no número de famílias com esse comportamento.

Para o cultivo de aveia branca na região Sul do Rio Grande do Sul o método SSD Modificado pode gerar um maior número de genótipos com bons caracteres agrônômicos e aumentar a eficiência dos programas de melhoramento em obter cultivares competitivas.

Vitae

Vianeí Rother nasceu em 22 de agosto de 1990, filho de Helio José Rother e Angelita K. Rother, natural de Itapiranga, Santa Catarina. Coursou o ensino fundamental e médio em escola pública. Em 2008 ingressou no curso Técnico em Agropecuária no Instituto Assistência e Educação São Canísio (IAESC), se formando em 2010. No mesmo ano de 2010, ingressou no curso de agronomia da FAI FACULDADES. Durante a graduação teve experiências profissionais nas áreas da assistência técnica, consultoria agrícola e ambiental. Obteve o título de Engenheiro Agrônomo em 2015. No mesmo ano foi selecionado para ingressar no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Fitomelhoramento.