



UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
CAMPUS PATO BRANCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA



GILVANI MATEI

**IMPLICAÇÕES DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E DA
DISTÂNCIA GENÉTICA NA SELEÇÃO DE GENITORES DE TRIGO
(*Triticum aestivum* L.).**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2010

GILVANI MATEI

**IMPLICAÇÕES DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E DA
DISTÂNCIA GENÉTICA NA SELEÇÃO DE GENITORES DE TRIGO
(*Triticum aestivum* L.).**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia - Área de Concentração: Fitotecnia.

Orientador: Dr. Giovani Benin

PATO BRANCO

2010

Ficha catalográfica elaborada por Elda Lopes Lira CRB/1295.

M425i	<p>Matei, Gilvani Implicações da capacidade de combinação e da distância genética na seleção de genitores de trigo (<i>Triticum Aestivum</i> L.) / Gilvani Matei. – Pato Branco. UTFPR, 2010 81 f. : il. ; 30 cm</p> <p>Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin Dissertação (Mestrado) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco/PR, 2009. Bibliografia: f.76-77</p> <p>1. Melhoramento genético. 2. Análise dialéctica. 3. Distância genética. I. Benin. II. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. III. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título. CDD 630</p>
-------	---



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco
Gerência de Ensino e Pesquisa
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



TERMO DE APROVAÇÃO



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco
Gerência de Pesquisa e Pós-Graduação
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação nº 017

Implicações da Capacidade de Combinação a da Distância Genética na Seleção de Genitores de Trigo (*Triticum aestivum* L.).

por

Gilvani Matei

Dissertação apresentada às oito horas do dia nove de fevereiro de dois mil e dez, como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Sistemas de Produção Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco. O candidato foi argüido pela Banca Examinadora composta pelos professores abaixo assinados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho APROVADO.

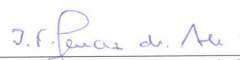
Banca examinadora:



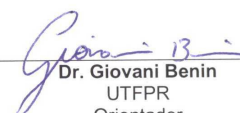
Dr. Giovanni Olegário da Silva
EMBRAPA



Dra. José Abramo Marchese
UTFPR

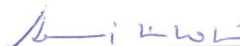


Dr. José Francisco Ferraz de Toledo
Nidera Sementes Ltda



Dr. Giovanni Benin
UTFPR
Orientador

Visto da Coordenação:



Prof. Dr. Idemir Citadin
Coordenador do PPGA

À família:

A minha filha Maria Eduarda e minha esposa Liciane J. Matei
- por tornarem minha vida mais alegre, dispondo de carinho e dedicação.

Aos meus pais Inês e Mario e aos meus irmãos Michelli e Rodrigo
- que sempre me apoiaram e acreditaram em mim durante todos
os anos de estudo e trabalho que se passaram.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela orientação durante todas as etapas da minha vida, principalmente durante os momentos mais difíceis.

A minha esposa Liciane e a minha filha Maria Eduarda, pelo carinho e afeto repassados durante esta etapa de minha vida.

Aos meus familiares, em especial a minha mãe Inês, meu pai Mario e meus irmãos Michelli e Rodrigo.

A Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco pela oportunidade de aprendizado através de sua estrutura e equipe.

Ao meu orientador Giovani Benin, pela experiência e conhecimentos transmitidos, pela amizade, e pela paciência nos momentos mais difíceis desta etapa.

Aos colegas e amigos do Fitomelhoramento da UTFPR, pela amizade e auxílio na execução do trabalho, Cristiano Lemes, Eduardo Beche, Eduardo Pagliosa, Anderson Signorini e aos demais colegas que participaram da execução deste trabalho.

Aos professores do PPGA, pelo conhecimento transmitido.

A todo o povo brasileiro, que através de seus impostos viabilização a minha formação acadêmica. Enfim agradeço a todos aqueles que de alguma maneira contribuíram na realização desta conquista

"Há homens que lutam um dia e são bons.
Há outros que lutam um ano e são melhores.
Há os que lutam muitos anos e são muito bons.
Porém, há os que lutam toda a vida.
Esses são os imprescindíveis."

Bertolt Brecht.

RESUMO

MATEI, Gilvani. Implicações da capacidade de combinação e da distância genética na seleção de genitores de trigo (*Triticum aestivum* L.). 76 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2010.

A identificação de metodologias eficientes para essa escolha de genitores em programas de melhoramento tem recebido grande atenção dos pesquisadores. O cruzamento dialélico é muito utilizado com esta finalidade; entretanto, à medida que o número de genótipos a serem testados aumenta, sua utilidade torna-se progressivamente inviável. Alternativas como medidas de dissimilaridade (baseadas em dados morfológicos, moleculares e genealógicos) têm sido propostas. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi o de estimar a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, heterose e depressão endogâmica, nas gerações F_1 e F_2 , através de cruzamento dialélico de dez genótipos de trigo, bem como avaliar o relacionamento entre genitores e o desempenho de seus híbridos, com as medidas de dissimilaridade anteriormente citadas. Dez genitores elite foram cruzados de forma dialélica, desconsiderando os recíprocos. Os resultados obtidos revelaram uma maior participação dos efeitos aditivos na expressão genotípica das constituições utilizadas. Os parentais FUNDACEP 50, Pampeano, BRS 208 e Abalone foram os que apresentaram os maiores valores de CGC para rendimento de grãos, evidenciando o potencial destes genótipos para utilização em cruzamentos a fim de obter progênie superiores. Também, as combinações envolvendo os genótipos BRS Guamirim x BRS 208, UTF 0506 x BRS Timbaúva, BRS 208 x Abalone, CD 115 x Abalone e BRS Timbaúva x Abalone, apresentaram elevado grau de heterose e baixa perda de vigor para os caracteres de maior importância agrônômica. A heterose revelada pelo F_1 não garante populações segregantes promissoras, pois em muitos casos não ocorreu associação da heterose do F_1 com desempenho dos bulks das gerações F_2 . As estimativas das correlações entre as matrizes de dissimilaridade permitiram observar a concordância existente entre as matrizes de dissimilaridade Morfológica+AFLP x Molecular AFLP (0,466) e entre Morfológica+AFLP x genealógica (0,42). A distância genealógica foi positivamente associada com os caracteres massa de 100 grãos e peso de grãos por planta nas gerações F_1 (0,67 e 0,62, respectivamente) e F_2 (0,62 e 0,59, respectivamente), o que lhe confere moderada confiabilidade em substituir os cruzamentos dialélicos na escolha dos genitores. Em contrapartida, as medidas de distância morfológica e combinada (molecular AFLP+morfológica), não foram associadas com o desempenho dos híbridos, em ambas as gerações avaliadas.

Palavras-chave: Escolha de genitores, cruzamento dialélico, dissimilaridade genética, marcadores moleculares..

ABSTRACT

MATEI, Gilvani. Implicações da capacidade de combinação e da distância genética na seleção de genitores de trigo (*Triticum aestivum* L.). 76 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2010.

The identification of efficient methodologies for the choice of parents in breeding programs has received great attention from researchers. The diallel cross is widely used with this purpose, however, as the number of genotypes to be tested increases, its utility becomes increasingly unviable. Alternatives such as measures of dissimilarity (based on morphological dates, molecular and genealogical) have been proposed. Thus, the objective of this study was to estimate the general (CGC) and specific (CEC) of combining, heterosis and inbreeding depression in F_1 and F_2 generations, through diallel of ten wheat genotypes and to assess the relationship between parents and the performance of their hybrids, with the dissimilarity measures described above. Ten elite parents were crossed in a diallel form, disregarding the reciprocal. The results revealed a greater participation of additive effects on phenotypic expression of the constitutions used. The parents FUNDACEP 50, Pampeano, Abalone and BRS 208 presented the highest values of CGC for grain yield, demonstrating the potential of these genotypes for use in crosses to promote superior progenies. Also, the combinations involving the genotypes BRS Guamirim x BRS 208, UTF 0506 x Timbaúva BRS, BRS 208 x Abalone, CD 115 x Abalone and BRS Timbaúva x Abalone, showed a high degree of heterosis and low inbreeding for characters of greatest agronomy importance. Heterosis revealed by F_1 does not warrant segregating populations, because in many cases there was no association with heterosis of F_1 and with performance of bulks on F_2 generations. Estimates of correlations between the dissimilarity matrices allowed to observe the correlation between the dissimilarity matrices Morphological + AFLP x Molecular AFLP (0.466) and between Morphological + AFLP x pedigree (0.427). The genealogical distance was positively associated with weight of 100 grains and grain weight per plant in F_1 generation (0.67 and 0.62, respectively) and F_2 (0.62 and 0.59, respectively), it gives moderate reliability to replace the diallel in the choice of parents. In contrast, the measures of morphological distance and combined (morphological + molecular AFLP), were not associated with the performance of hybrids, in both generations available.

Keywords: Choice of parents, diallelic cross, genetic similarity, molecular markers.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 01. Dendrogramas resultantes da análise de agrupamento de dez genótipos de trigo obtido pelo método UPGMA utilizando como medida de distância genética: $Dg_{\text{morfológica}}$ = distância de Mahalanobis baseada em 05 caracteres morfológicos; $Dg_{\text{genealógica}}$ = utilizando o sistema de cálculo de Malécot (FERREIRA; ZAMBALDE, 1997); $Dg_{\text{molecularAFLP}}$ = polimorfismo de marcadores moleculares do tipo AFLP (182 locus polimórficos) e $Dg_{\text{morfológica} + \text{(AFLP)}}$ = baseado no complemento do índice de similaridade genética de Gower (1971). Os coeficientes de correlação cofenético foram de 0,89 - 0,98 - 0,88 e 0,61 para os quatro dendrogramas, respectivamente. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.63

LISTA DE TABELAS

- Tabela 01. Quadrados médios da análise de variância dialélica das gerações F_1 e F_2 para cinco caracteres fenotípicos de trigo, analisados pelo modelo de análise dialélica proposto por Griffing (1956). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.19
- Tabela 02. Médias para os cinco caracteres fenotípicos de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos nas gerações F_1 (diagonal superior) e F_2 (diagonal inferior). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.....21
- Tabela 03. Capacidade geral de combinação (gi) de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos, sem recíprocos, nas gerações F_1 e F_2 , para cinco caracteres fenotípicos em trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.23
- Tabela 04. Capacidade específica de combinação (si.) de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos, sem recíprocos, nas gerações F_1 e F_2 , para cinco caracteres fenotípicos em trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.23
- Tabela 05. Valores de correlação entre as médias dos caracteres morfológicos e a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) nas gerações F_1 e F_2 . UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.26
- Tabela 06. Resumo da análise de variância individual e conjunta das gerações F_1 e F_2 e amplitudes observadas na análise de quarenta e cinco populações e dez genitores de um cruzamento dialélico completo em trigo, sem os recíprocos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.....35
- Tabela 07. Médias de quarenta e cinco populações e seus respectivos genitores, nas gerações F_1 e F_2 , em cinco caracteres agrônômicos de trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.36
- Tabela 08. Heterose nas gerações F_1 e F_2 e depressão endogâmica ($DE = F_1 - F_2$), em porcentagem, de quarenta e cinco progênies de trigo para cinco caracteres agrônômicos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.39
- Tabela 09. Heterobeltiose nas gerações F_1 e F_2 , em porcentagem, de quarenta e cinco cruzamentos de trigo para cinco caracteres agrônômicos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.43
- Tabela 10. Correlações entre a heterose de cinco caracteres nas gerações F_1 e F_2 com as médias de F_1 e médias de F_2 , Heterobeltiose F_1 , Heterobeltiose F_2 e Depressão endogâmica. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.....45
- Tabela 11. Genitores de trigo utilizados no estudo, com as respectivas genealogias. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.....54
- Tabela 12. Quadrados médios da análise de variância dialélica das gerações F_1 e F_2 para cinco caracteres fenotípicos de trigo, analisados pelo modelo de análise dialélica proposto por Griffing (1956). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.60
- Tabela 13. Correlações entre as medidas de distância genética estimada por meio de caracteres fenotípicos (Dg-morfológica), marcadores moleculares

AFLP (Dg-molecular AFLP), conjunta de dados fenotípicos e marcadores moleculares AFLP (Dg-morfológica+AFLP) e distancia genealógica (Dg-genealógica), entre 10 genitores de um cruzamento dialélico de trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.64

Tabela 14. Coeficientes de correlação entre a distância genética, medida através de caracteres morfológicos (Dg^{-morfológica}), marcadores moleculares AFLP (Dg^{-molecularAFLP}), conjunta de dados fenotípicos e marcadores moleculares AFLP (Dg^{-morfológica+AFLP}) e distancia genealógica (Dg^{-genealógica}), com a capacidades específica de combinação de cinco caracteres (EP, NE.P⁻¹, NG.E⁻¹, MCG e PG.P⁻¹) em um cruzamento dialélico envolvendo dez genitores de trigo (*Triticum aestivum* L.). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.66

LISTA DE SIGLAS

CEC	Capacidade Específica de Combinação
CGC	Capacidade Geral de Combinação
F ₁	Primeira Geração após a Híbridação
F ₂	Segunda Geração após a Híbridação
EP	Estatura de Plantas
MCG	Massa de Cem Grãos
NE P-1	Número de Espigas por Planta
NG E-1	Número de Grãos por Espiga
PG P	Produção de Grãos por Planta
PR	Unidade da Federação – Paraná

LISTA DE ABREVIATURAS

BRS	EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
CD	COODETEC - Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola.
FUNDACEP	Fundação Centro de Experimentação e Pesquisa - FECOTRIGO
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL.....	15
2 CAPITULO I - CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE DEZ GENÓTIPOS DE TRIGO ESTIMADA EM DIFERENTES GERAÇÕES.....	17
2.1 INTRODUÇÃO	17
2.2 MATERIAIS E MÉTODOS.....	18
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	19
2.4 CONCLUSÕES	26
2.5 REFERÊNCIAS.....	28
3 CAPÍTULO II - EFEITOS DA HETEROSE, HETEROBELTIOSE E ENDOGAMIA EM CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM TRIGO	31
3.1 INTRODUÇÃO	31
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	32
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	34
3.4 CONCLUSÕES	46
3.5 REFERÊNCIAS.....	47
4 CAPÍTULO III - PREVISÃO DO DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE TRIGO POR MEDIDAS DE DISTÂNCIA GENÉTICA.....	49
4.1 INTRODUÇÃO	49
4.2 MATERIAIS E MÉTODOS.....	51
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	58
4.4 REFERÊNCIAS.....	67
5 DISCUSSÃO GERAL	73
REFERÊNCIAS.....	76

1 INTRODUÇÃO GERAL

Uma das principais tarefas dentro dos programas de melhoramento é a seleção de genitores com constituição gênica superiores para a realização das hibridações. A dificuldade nesta escolha está relacionada à baixa capacidade em prever a intensidade e de que forma o efeito gênico de cada genitor é manifestado em sua progênie.

A elevada pressão de seleção vem reduzindo a variabilidade genética para características de importância agrônômica em trigo. Neste contexto, diversos autores vêm relatando a reduzida expressão heterótica para a maioria dos caracteres de importância agrônômica (CRUMPACKER & ALLARD, 1962; PICKETT, 1993), evidenciando a necessidade de estudos que possibilitem a identificação de genitores superiores em blocos de cruzamentos.

Na escolha das combinações híbridas, o melhorista dispõe de algumas técnicas, destacando-se entre elas os cruzamentos dialélicos, que permitem a identificação de genitores baseado em seus próprios valores genéticos e, principalmente, nas suas capacidades de se combinarem em híbridos que produzem populações segregantes promissoras (RAMALHO et al., 1993).

A análise de cruzamentos dialélicos, proposta por SPRAGUE & TATUM (1942), levanta parâmetros para a escolha das melhores combinações dentro de um número variável de combinações. Estes parâmetros são inerentes à capacidade geral e específica de combinação que promovem estimativas úteis na escolha das melhores combinações e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na expressão de caracteres de interesse (BERTAN et al., 2009). A existência de heterose e a ação gênica podem ser estimadas, podendo proporcionar maiores avanços para a seleção pelo entendimento das combinações de maior expressão heterótica e com maior herdabilidade.

A seleção de genitores contrastantes gera a perspectiva da obtenção de uma população segregante com ampla variabilidade genética e elevada frequência de indivíduos transgressivos, uma vez que a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois genitores dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de diferenças genéticas entre os

genótipos (VIEIRA et al 2007). Neste contexto, outra metodologia que se destaca na caracterização da variabilidade dentro de espécies vegetais é a distância genética.

A distância genética pode ser estimada através de dados moleculares pelo polimorfismo do DNA (OLIVEIRA, 1998, BENIN et al., 2008), por meio das avaliações morfológicas do fenótipo da planta (SILVA et al., 2007; VIEIRA et al., 2007), pelas informações disponíveis da genealogia (BARBOSA NETO et al., 1996, BERTAN, et al., 2009), ou também pela utilização conjunta destas metodologias (GANDIN, 1982, BERTAN, et. al, 2009).

Atualmente, estas técnicas vêm sendo utilizadas em programas de melhoramento genético modernos de diversas espécies vegetais, objetivando a seleção de genitores que possibilitem um maior efeito heterótico nas suas progênes, aumentando assim a possibilidade de recuperação de recombinantes superiores nas gerações segregantes. Desta forma, o presente estudo busca verificar quais metodologias são mais eficientes na escolha dos genitores para compor blocos de cruzamento.

2 CAPITULO I - CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE DEZ GENÓTIPOS DE TRIGO ESTIMADA EM DIFERENTES GERAÇÕES

2.1 INTRODUÇÃO

Um grande desafio no melhoramento genético de trigo é reunir informações sobre o potencial dos genitores em relação ao seu desempenho durante as populações segregantes, a fim de determinar a intensidade e de que forma o efeito gênico de cada genitor é manifestado em sua progênie.

A escolha de genótipos para hibridações tomando como base apenas caracteres fenotípicos e de desempenho individual é insuficiente para assegurar a obtenção de progênies com alto potencial genético passíveis de seleção. Neste sentido, as metodologias de análise dialélica têm por finalidade fornecer estimativas de parâmetros úteis na seleção de parentais para a hibridação e no entendimento dos efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres (KRYSTKOWIAK et al.; 2009). Desta forma, os esforços de melhoramento podem ser direcionados para as combinações híbridas mais promissoras, com economia de recursos e maiores chances de progresso genético em curto espaço de tempo.

Em trigo, as chances de obtenção de recombinações favoráveis em alta frequência para o caráter rendimento de grãos vêm sendo restringidas. Diversos trabalhos demonstram que a maior parte da variabilidade genética para o rendimento de grãos e seus componentes esteve associada com a capacidade geral de combinação (IQBAL, et al; 1991; PATIL et al; 1995; JOSHI et al., 2004; BERTAN et al, 2009), que é uma medida da variância genética aditiva. Entretanto, a variância genética não aditiva, devido à capacidade específica de combinação, também tem sido observada sendo igualmente importante para esses caracteres (MENON & SHARNA, 1997; LORENCETTI, 2005; KRYSTKOWIAK et al.; 2009) e para os caracteres adaptativos ciclo vegetativo e estatura de plantas (SABOUR et al., 1996; DHONDE et al; 2000).

Entretanto, a reduzida expressão heterótica (FARSHADFAR, et al., 2008) e de capacidade de combinação (KAMALUDDIN et al., 2007) de algumas combinações, para a maior parte dos caracteres de importância agrônômica,

observadas em diversos trabalhos, pode ser devida a constante intensificação de seleção em genótipos elites. Sendo assim, torna-se necessário a utilização de estratégias precisas para desvendar a existência de tais variabilidades em busca da obtenção de ganho genético para produtividade de grãos.

Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi estimar a capacidade geral e específica de combinação de dez genótipos de trigo através de cruzamento dialélico, desconsiderando os recíprocos, a fim de indicar as combinações e os genótipos mais promissores para a obtenção de recombinações favoráveis em alta frequência visando o incremento à produtividade de grãos.

2.2 MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental do Curso de Agronomia da UTFPR, em Pato Branco-PR (26010' S; 52041'W e 743 m). Esta apresenta solo pertencente a unidade de mapeamento Latossolo Vermelho Distroférico Úmbrico, textura argilosa, álico, fase floresta subtropical perenifólia, relevo ondulado (BHERING et al., 2008).

Na safra agrícola de 2006, dez genótipos de trigo (BRS Figueira, BRS Louro, BRS Guamirim, BRS Timbaúva, BRS 208, Pampeano, CD 115, FUNDACEP 50, Abalone e UTF 0605), escolhidos com base no rendimento de grãos e caracteres agrônômicos de interesse, foram cruzados em forma de dialelo completo, sem os recíprocos, totalizando 45 combinações híbridas. No mesmo ano, uma amostra das sementes F_1 de cada cruzamento foi semeada em casa de vegetação visando o avanço para a geração F_2 . As sementes remanescentes foram mantidas em condições controladas.

Na safra agrícola de 2007, os híbridos F_1 , as populações F_2 e os genitores foram conduzidos em delineamento completamente casualizados com três repetições. A parcela experimental foi composta por 20 plantas para os híbridos F_1 , 40 plantas para os pais e 40 para as populações F_2 , espaçadas em 30 cm entre plantas e entre linhas. A adubação de base foi de 250 kg ha⁻¹ de NPK (8-20-20) e mais 50 kg ha⁻¹ de nitrogênio aplicado no início do afilhamento. Também foi efetuado controle de moléstias de parte aérea, com duas aplicações de fungicida Tebuconazole, na dose de 0,75 L ha⁻¹, sendo a primeira aplicação no surgimento

das pústulas da ferrugem da folha (*Puccinia triticina*) e a segunda no ressurgimento das mesmas. Os demais tratamentos culturais foram de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do trigo (COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 2006).

Foram avaliados os seguintes caracteres: estatura de planta (EP), pelo comprimento do colmo, em centímetros, desde a superfície do solo até o ápice da inflorescência, excluindo as aristas, número de espigas ($NE P^{-1}$), contando individualmente as espigas de cada planta, número de grãos por espiga ($NG E^{-1}$), contando o número total de grãos de cada planta e dividido pelo número de espigas, massa de 100 grãos (MCG), rendimento de grãos por planta ($PG P^{-1}$), obtido pela pesagem da produção de grãos das plantas trilhadas individualmente, em gramas.

Os dados foram submetidos a análise de variância individual e geral considerando as gerações avaliadas, onde posteriormente, as somas de quadrados dos tratamentos foram decompostas em capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), e interações, por meio da análise de variância dialélica. Na decomposição, foi empregado o Método 2, Modelo B de Griffing (1956), por meio do modelo estatístico $Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \epsilon_{ij}$, onde: Y_{ij} é o valor médio da combinação ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$); m é a média geral; g_i , g_j são os efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo e do j -ésimo genitor, respectivamente; s_{ij} é o efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; e ϵ_{ij} é o erro experimental médio. Sendo que estas análises foram realizadas com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 01 encontra-se o resumo da análise de variância do modelo dialélico das gerações fixas (F_1 e genitores) e populações (F_2). Com base na análise individual de cada geração (F_1 e F_2), detectou-se diferenças para todos os caracteres avaliados, o que indica que os genitores e suas respectivas combinações híbridas são contrastantes. Quanto às gerações, estas não apresentaram diferenças significativas entre si, fato justificado por se tratar de apenas duas gerações testadas, com reduzindo grau de liberdade desta fonte de variação. Porém, as análises individuais das gerações F_1 e F_2 e conjunta apresentaram interação

significativa com CGC e CEC para todos os caracteres avaliados, indicando que tanto efeitos gênicos aditivos quanto não aditivos estão controlando a manifestação dos caracteres estudados (Joshi et al., 2004; Bertan et al.; 2009) e que as considerações a cerca das capacidades de combinação devem efetuadas para cada geração.

Tabela 01. Quadrados médios da análise de variância dialélica das gerações F_1 e F_2 para cinco caracteres fenotípicos de trigo, analisados pelo modelo de análise dialélica proposto por Griffing (1956). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Fontes de Variação	G.L.	Caracteres/Quadrados médios (Análise conjunta F_1 e F_2)				
		EP	NE P^{-1}	NG E^{-1}	MCG	PG P^{-1}
Tratamento	54	313,49*	5,60*	28,01*	2,19*	3,83*
CGC	9	1741,57*	16,66*	76,04	11,88	13,50
CEC	45	27,87	3,39*	18,41	0,26	1,89*
Geração	1	17,00	1,46	27103,6	51815,53	1646,23
Tratamento x Geração	54	18,12*	1,16*	19,81*	1,56*	1,89*
CGC x Geração	9	10,23*	0,98*	46,74*	8,4*	6,16*
CEC x Geração	45	19,70*	1,20*	14,43*	0,20*	1,04*
Resíduo	216	3,51	0,49*	0,15	0,0022	0,022
Análise individual da geração F_1						
TRATAMENTO	54	162,52*	3,52*	0,56*	3,72*	5,52*
CGC	9	907,99*	8,28*	2,08*	20,13*	18,93*
CEC	45	13,42*	2,56*	0,25*	0,44*	2,84*
RESÍDUO	108	5,28	0,49	0,08	0,14	0,29
Análise individual da geração F_2						
TRATAMENTO	54	169,10*	3,25*	47,27*	0,03*	0,19*
CGC	9	843,81*	9,37*	120,70*	0,15*	0,73*
CEC	45	34,15*	2,02*	32,51*	0,01*	0,09*
RESÍDUO	108	8,14	0,84	7,55	0,0008	0,01

* Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F, GL- graus de liberdade, CGC - capacidade geral de combinação, CEC – capacidade específica de combinação, EP- Estatura de planta, NE P^{-1} - Número de espigas por planta, NG E^{-1} - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos e PG P^{-1} – produção de grãos por planta.

Para todos os caracteres avaliados, os valores dos quadrados médios para CGC e CEC na geração F_1 foram superiores quando comparados à geração F_2 , o que demonstra a maior contribuição dos efeitos gênicos aditivos para os caracteres estudados, os quais tendem a permanecer com maior frequência após os efeitos da endogamia (Pokhrel et al., 1993; Singh, 2004; Kamaluddin et al., 2007).

Através das médias originais das populações e seus respectivos genitores, observa-se a forte tendência de superioridade para o genótipo FUNDACEP 50, onde suas combinações, tanto em F_1 quanto em F_2 , refletem a superioridade do material em transmitir às suas populações alelos favoráveis para os caracteres NE

P⁻¹, PG P⁻¹ e MCG, pelas maiores médias apresentadas (Tabela 02). Em ambas as gerações, as menores de EP foram observadas quando a linhagem UTF 0605 esteve presente nas combinações, ao passo que as combinações com FUNDACEP 50 e Pampeano maximizaram a expressão deste caráter.

Tabela 02, Médias para os cinco caracteres fenotípicos de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos nas gerações F₁ (diagonal superior) e F₂ (diagonal inferior). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Genitores*	1*	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Y _{ii} +Y _{ij}	Y _i
Estatura de planta (EP)												
1	<u>54</u>	43	64	57	61	58	58	61	55	61	630	57
2	45	<u>33</u>	57	53	47	45	51	51	45	43	506	47
3	65	52	<u>68</u>	64	66	63	67	70	63	63	718	65
4	58	47	67	<u>62</u>	63	61	64	64	59	56	670	60
5	58	66	64	60	<u>62</u>	61	65	60	62	59	672	61
6	56	46	63	62	62	<u>58</u>	63	64	60	59	654	59
7	59	48	68	60	63	62	<u>66</u>	69	62	62	697	63
8	61	48	68	65	65	69	65	<u>71</u>	64	63	713	59
9	54	41	60	59	60	59	62	65	<u>57</u>	55	643	58
10	64	47	61	56	60	58	57	62	53	<u>55</u>	636	58
Y _{ii} +Y _{ij}	633	511	710	662	687	658	682	715	632	634		
Y _i	57	47	64	60	62	60	61	64	57	57		
Média											F2=59	F1=59
Número de espigas por planta (NE.P ⁻¹)												
1	<u>9,1</u>	8,5	9,4	9,5	10,7	9,4	8,7	9,1	10,2	7,9	101	9,2
2	7,9	<u>7,5</u>	9,4	8,0	7,9	8,5	9,0	7,5	7,7	7,5	89	8,1
3	9,9	10,2	<u>9,6</u>	9,4	11,3	10,8	9,0	8,6	10,0	9,3	106	9,7
4	7,8	7,7	9,6	<u>8,9</u>	9,7	9,1	9,4	9,8	10,7	9,8	103	9,4
5	10,3	8,3	9,7	9,3	<u>8,9</u>	9,4	9,8	8,6	9,7	7,6	102	9,4
6	10,1	9,5	10,0	9,0	8,9	<u>8,6</u>	8,7	7,8	9,2	10,0	100	9,2
7	8,6	9,0	11,5	9,5	9,3	8,6	<u>8,3</u>	9,1	9,5	10,5	100	9,2
8	8,3	7,7	9,6	9,1	9,2	10,1	9,0	<u>8,1</u>	9,3	9,5	95	9,5
9	9,8	8,3	10,2	9,9	9,5	9,4	11,2	9,1	<u>9,1</u>	10,5	105	9,6
10	9,5	8,8	9,8	9,1	10,0	11,3	10,1	9,3	9,1	<u>13,1</u>	108	9,5
Y _{ii} +Y _{ij}	100	92	110	99	102,7	104	103	98	105	113		
Y _i	9,1	8,5	10,0	9,0	9,3	9,6	9,5	9,0	9,6	10,0		
Média											F2=9,3	F1=9,3
Número de grãos por espiga (NG.E ⁻¹)												
1	<u>19</u>	14	27	26	22	24	21	25	19	21	242	22
2	15	<u>20</u>	28	27	19	21	23	18	18	16	226	20
3	25	25	<u>25</u>	26	24	24	25	28	24	20	279	25
4	24	27	26	<u>21</u>	24	24	24	30	27	17	271	24
5	20	18	23	20	<u>22</u>	22	25	26	28	19	257	23
6	22	21	19	22	<u>22</u>	<u>25</u>	23	30	26	22	269	24
7	24	29	26	24	23	28	<u>25</u>	30	24	26	274	25
8	24	16	20	27	22	28	26	<u>34</u>	26	24	310	24
9	18	22	23	22	24	26	23	27	<u>21</u>	20	258	23
10	27	17	16	16	19	18	23	23	22	<u>13</u>	188	20
Y _{ii} +Y _{ij}	243	233	258	255	240	261	281	286	254	185		

Continuação da tabela 02...

Y _i	22	21	23	23	21	23	25	25	23	20		
Média											F2=23	F1 =23
Produção de grãos por planta (PG.P ⁻¹)												
1	<u>5,0</u>	5,8	8,1	8,2	7,8	5,7	5,5	8,4	6,6	5,2	71	6,6
2	4,9	<u>3,9</u>	8,6	6,9	5,0	6,5	7,4	6,0	5,7	3,9	63	6,0
3	7,6	7,0	<u>7,6</u>	9,5	8,5	8,5	8,7	8,7	8,0	6,7	90	8,3
4	7,8	6,4	8,7	<u>6,0</u>	6,5	7,4	7,6	8,1	8,4	5,7	80	7,4
5	6,2	4,4	7,2	5,3	<u>6,2</u>	8,2	6,8	7,4	8,3	5,6	76	7,0
6	5,5	5,8	6,4	7,0	8,0	<u>6,5</u>	6,5	7,3	8,4	5,9	77	7,1
7	5,4	7,0	8,5	6,9	6,6	6,3	<u>6,1</u>	8,8	8,4	8,1	80	7,4
8	7,9	5,5	8,3	8,1	7,3	7,1	7,5	<u>8,5</u>	7,4	6,5	86	7,5
9	6,3	5,3	7,5	8,0	8,2	7,7	8,1	6,9	<u>5,7</u>	6,2	79	7,3
10	4,8	3,6	5,9	5,0	5,5	5,6	7,3	4,5	6,0	<u>4,5</u>	63	5,8
Y _{ii} +Y _{ij}	66	58	82	75	71	72	76	80	75	57		
Y _i	6,1	5,4	7,4	6,9	6,5	6,6	7,0	7,1	7,0	5,3		
Média											F2=6,5	F1=7,0
Massa de cem grãos (MCG)												
1	<u>2,9</u>	2,9	3,1	3,0	3,0	3,0	3,0	3,0	3,0	2,9	3,32	3,0
2	2,9	<u>2,8</u>	3,1	3,1	3,0	3,0	2,9	2,9	3,0	2,8	3,28	2,9
3	3,1	3,1	<u>3,1</u>	3,2	3,3	3,2	3,2	3,1	3,2	3,0	3,51	3,1
4	3,0	3,1	3,1	<u>3,2</u>	3,1	3,1	3,0	3,1	3,1	3,0	3,46	3,1
5	2,9	2,9	3,2	3,1	<u>3,0</u>	3,1	3,0	3,0	3,0	2,9	3,38	3,0
6	2,9	3,0	3,1	3,1	3,0	<u>3,0</u>	3,0	3,0	3,1	2,9	3,39	3,0
7	2,9	2,9	3,1	3,0	3,0	3,0	<u>2,9</u>	2,9	3,0	2,8	3,31	3,0
8	2,9	2,5	3,1	3,0	3,0	3,0	2,9	<u>3,0</u>	3,0	2,8	3,33	3,0
9	3,0	2,9	3,0	3,1	3,0	3,1	3,0	3,0	<u>3,0</u>	2,9	3,37	3,0
10	2,9	2,8	3,0	2,9	2,9	2,9	2,8	2,8	2,9	<u>2,8</u>	3,20	2,9
Y _{ii} +Y _{ij}	3,28	3,21	3,46	3,42	3,35	3,35	3,29	3,27	3,34	3,19		
Y _i	2,9	2,9	3,1	3,1	3,0	3,0	2,9	2,9	3,0	2,9		
Média											F2 =3,0	F1 =3,0

*1= BRS Guamirim, 2= UTF 0605, 3= FUNDACEP 50, 4= BRS 208, 5= CD 115, 6= BRS Louro, 7= BRS Timbaúva, 8= Pampeano, 9= Abalone, 10= BRS Figueira.

A CGC representa, principalmente, a ação de genes de afeitos aditivos, possíveis de serem fixados nas populações segregantes (Mather e Jinks, 1982). Assim, escolha de genitores de trigo deve recair sobre àqueles com maior CGC (Joshi et al., 2004), onde seriam maiores as chances de sucesso na recuperação de linhagens endogâmicas superiores. Dentre os genitores, FUNDACEP 50, BRS 208, BRS Timbaúva e Pampeano se destacaram com os mais elevados valores quanto a CGC para PG P⁻¹, também apresentaram elevados valores de CGC para NGE e os dois primeiros também se destacaram quanto a CGC para MCG (Tabela 03). Na média das duas gerações, o genótipo UTF 0605 apresentou a melhor CGC (-12,03) no sentido de reduzir a EP das combinações híbridas em que esteve presente, devendo, desta forma, ser priorizado em cruzamento com genitores suscetíveis ao acamamento. O genótipo BRS Figueira apresentou os piores desempenhos de CGC

para PG P⁻¹, MCG e NG E⁻¹, o que demonstra o baixo potencial destes materiais em transmitir estas características às suas progênes, entretanto, evidenciou o melhor desempenho para NE P⁻¹, justificável pelo fato de apresentar aptidão duplo-propósito e ter sido selecionado para elevada capacidade de perfilhamento. Neste sistema de manejo tal genótipo pode ser submetido a até três cortes ou pastejos e posterior colheita de grãos (Fontaneli et al., 2007).

Tabela 03. Capacidade geral de combinação (gi) de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos, sem recíprocos, nas gerações F₁ e F₂, para cinco caracteres fenotípicos em trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Genótipos	EP			NE P ⁻¹			NG E ⁻¹			MCG			PG P ⁻¹		
	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ
BRS Guamirim	-1,97	-1,58	-1,78	0,03	-0,18	0,08	-1,55	-0,73	-1,14	0,03	0,03	0,03	-0,33	0,08	-0,21
UTF 0605	-12,30	-11,76	-12,03	-1,02	-0,86	-0,94	-2,79	-1,57	-2,18	0,07	0,08	0,07	-0,82	-0,24	-0,53
FUNDACEP 50	5,35	4,83	5,09	0,43	0,59	0,51	1,58	0,48	1,03	0,13	0,11	0,12	0,95	0,18	0,56
BRS 208	1,30	0,79	1,05	0,16	-0,32	0,08	0,85	0,24	0,55	0,09	0,08	0,09	0,30	0,06	0,18
CD 115	1,54	2,92	2,23	0,11	0,03	0,04	-0,26	-1,03	-0,65	0,02	0,03	0,02	0,04	0,00	0,02
BRS Louro	0,03	0,43	0,20	0,08	0,12	0,02	0,76	0,69	0,73	0,02	0,03	0,03	0,01	0,03	0,02
BRS Timbaúva	3,58	2,44	3,01	0,08	0,05	0,02	1,30	2,38	1,84	0,04	0,02	0,03	0,26	0,08	0,17
Pampeano	4,89	5,18	5,03	-0,47	-0,41	-0,44	4,09	2,81	3,45	0,02	0,04	0,03	0,41	0,14	0,27
Abalone	-0,90	-1,69	-1,29	0,31	0,17	0,24	-0,21	0,17	0,02	0,02	0,02	0,02	0,22	0,07	0,15
BRS Figueira	-1,47	-1,55	-1,51	0,61	0,88	0,74	-3,77	-3,45	-3,61	-0,13	-0,10	-0,12	-0,95	-0,24	-0,60

* Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F; EP- Estatura de planta, NE P⁻¹ - Número de espigas por planta, NG E⁻¹ - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos e PG P⁻¹ - produção de grãos por planta.

A magnitude e direção dos efeitos da CEC na seleção de genitores em programas de melhoramento genético (Mather e Jinks, 1971). A estimativa será negativa quando os desvios forem predominantemente positivos e positiva em caso contrário. Na Tabela 04 é possível observar, para alguns cruzamentos, inconsistência de desempenho da CEC (valores positivos e negativos) entre as duas gerações testadas. Quando os valores forem positivos e negativos há evidência de dominância bidirecional (Cruz e Vencovsky, 1989). Neste sentido, ressaltasse a importância de se avaliar mais de uma geração, devendo a escolha das melhores combinações recair sobre àquelas que apresentarem consistência de desempenho. Considerando-se a avaliação de apenas uma geração, o processo de seleção pode ser mascarado pela maior participação dos genes de efeitos não-aditivos que são relacionados a esta estimativa. Neste sentido, o maior efeito médio da CEC, que apresentou tendência a se manter elevado para o caráter PG P⁻¹, em ambas as gerações, foi observado nos cruzamento 42 (x = 1,41), 10 (x =1,15), 7, (x =1,12), 31

(x =1,10), 3 (x =1,07), 34 (x =1,05) e 14 (x =0,96), indicando o elevado potencial destas populações em produzir segregantes transgressivos. Também, além da significância da CEC, é importante que, pelo menos, um dos genitores apresente elevada CGC (Cruz & Regazzi, 2001), pois assim o caráter desejado poderá ser mais rapidamente incorporado nas linhagens. Dentre os cruzamentos indicados, apenas o 31 não apresentou pelo menos um genitor com elevada CGC para PG P⁻¹. A presença de cruzamentos com elevada CEC mesmo quando ambos os genitores apresentaram baixa CGC, tal como para os cruzamentos 31 para PG P⁻¹, é um indicativo que, apesar dos genitores apresentarem poucos genes de efeito aditivo, os heterozigotos, devido as ações gênicas de dominância e epistasia, foram altamente responsivos as condições de ambiente (Kamaluddin et al. 2007).

Bons resultados de CEC para NG E⁻¹ foram observados nos cruzamentos 2, 3, 14, 23 e 39 (Tabela 04), refletindo um elevado grau de complementaridade alélica. Estes apresentaram ao menos um dos parentais com bom desempenho para o caráter (Tabela 02) e um dos genitores com elevada CGC para NG E⁻¹ e/ou PG P⁻¹. Também, as combinações 10, 29, 41 se destacam para o caráter NE P⁻¹, evidenciando serem ótimas fontes quando se busca constituições gênicas com alta capacidade de produção de espigas por m². Para MCG, os valores de CEC não diferiram expressivamente entre si, indicando que os híbridos F₁ e populações F₂ tiveram o comportamento esperado com base na CGC de seus genitores (Cruz & Regazzi, 1997).

Tabela 04. Capacidade específica de combinação (si.) de dez genitores de trigo e seus respectivos cruzamentos, sem recíprocos, nas gerações F₁ e F₂, para cinco caracteres fenotípicos em trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Genótipos	EP*			NE P ⁻¹			NG E ⁻¹			MCG			PG P ⁻¹		
	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ	F ₁	F ₂	Ŷ
1**	-0.76	-1.38	-1.07	-0.20	0.09	-0.05	-1.52	-2.30	-1.91	-0.06	-0.01	-0.03	-3.50	-0.14	-1.82
2	-1.30	-2.24	-1.77	0.30	-0.15	0.07	-4.41	0.37	-2.02	-0.01	0.02	0.00	-2.72	-0.09	-1.40
3	-1.69	-0.52	-1.10	-0.50	-0.95	-0.72	3.96	1.38	2.67	0.01	-0.05	-0.02	-5.46	-0.14	-2.80
4	-0.01	1.17	0.58	-0.66	0.17	-0.24	3.31	-1.65	0.83	-0.03	0.01	-0.01	-4.46	-0.22	-2.34
5	-0.17	-2.79	-1.48	-0.56	-0.41	-0.48	0.55	1.58	1.07	0.01	0.00	0.00	-3.78	-0.04	-1.91
6	-1.44	-2.22	-1.83	-0.48	-1.02	-0.75	1.66	0.75	1.20	0.01	-0.01	0.00	-3.77	-0.04	-1.90
7	-0.26	2.17	0.96	-0.78	-1.17	-0.97	-1.66	-2.74	-2.20	0.02	0.02	0.02	-4.37	-0.22	-2.30
8	2.42	1.99	2.21	-0.19	-0.45	-0.32	-1.05	6.01	2.48	0.02	0.12	0.07	-4.27	0.10	-2.09
9	-0.70	1.03	0.16	-0.76	-0.61	-0.69	-2.69	-2.21	-2.45	0.03	-0.01	0.01	-4.40	-0.29	-2.35
10	-0.76	-0.45	-0.60	2.63	1.98	2.31	3.37	-2.98	0.19	0.05	0.00	0.03	-2.35	0.07	-1.14

Continuação da tabela 04...

1 (1x2)***	-1.47	-0.04	-0.75	0.32	-0.35	-0.02	2.07	-4.71	-1.32	-0.07	0.04	-0.02	0.61	0.00	0.30
2 (1x3)	1.46	3.16	2.31	-0.23	0.12	-0.05	5.66	2.68	4.17	0.04	0.01	0.02	1.16	0.12	0.64
3 (1x4)	-1.71	-0.03	-0.87	0.13	-1.02	-0.44	5.31	2.51	3.91	0.11	-0.05	0.03	1.88	0.27	1.07
4 (1x5)	2.10	-2.69	-0.29	1.36	1.19	1.28	-1.20	-0.65	-0.93	0.01	-0.02	-0.01	1.82	0.04	0.93
5 (1x6)	0.81	-1.68	-0.44	0.21	0.87	0.54	-0.55	-0.32	-0.44	0.01	-0.04	-0.01	-0.30	-0.12	-0.21
6 (1x7)	-2.36	-1.09	-1.72	-0.44	-0.57	-0.51	1.63	0.15	0.89	0.00	0.00	0.00	-0.76	-0.21	-0.48
7 (1x8)	-1.39	-1.81	-1.60	0.38	-0.39	-0.01	-6.88	-0.14	-3.51	-0.02	0.03	0.00	2.01	0.23	1.12
8 (1x9)	-1.35	-1.51	-1.43	0.64	0.50	0.57	-2.71	-3.55	-3.13	0.01	0.02	0.01	0.41	-0.02	0.20
9 (1x10)	5.42	8.46	6.94	-1.98	-0.52	-1.25	-0.99	8.65	3.83	0.00	0.04	0.02	0.16	-0.03	0.07
10 (2x3)	5.04	0.50	2.77	0.83	1.18	1.01	-1.60	3.26	0.83	-0.12	0.05	-0.04	2.12	0.17	1.15
11 (2x4)	4.85	-1.35	1.75	-0.33	-0.47	-0.40	-0.04	5.55	2.75	0.01	0.10	0.06	1.08	0.16	0.62
12 (2x5)	-1.24	15.56	7.16	-0.42	-0.18	-0.30	-1.01	-2.29	-1.65	0.09	0.01	0.05	-0.49	-0.20	-0.35
13 (2x6)	-1.95	-1.43	-1.69	0.42	0.90	0.66	-1.76	-0.88	-1.32	0.01	0.04	0.03	1.01	0.08	0.55
14 (2x7)	0.50	-1.33	-0.42	0.91	0.46	0.68	-1.04	5.93	2.44	0.05	0.02	0.04	1.65	0.26	0.96
15 (2x8)	-0.42	-4.19	-2.31	-0.17	-0.35	-0.26	-0.85	-8.09	-4.47	0.02	-0.34	-0.16	0.12	-0.10	0.01
16 (2x9)	-0.66	-4.22	-2.44	-0.82	-0.36	-0.59	-0.60	0.89	0.15	0.02	0.03	0.02	-0.03	-0.05	-0.04
17 (2x10)	-2.03	0.98	-0.53	-1.33	-0.52	-0.93	-1.11	-0.38	-0.75	-0.01	0.01	0.00	-0.63	-0.15	-0.39
18 (3x4)	-1.84	2.18	0.17	-0.40	0.03	-0.19	-3.69	2.45	-0.62	-0.02	-0.03	-0.03	1.96	0.17	1.06
19 (3x5)	0.60	-2.20	-0.80	1.54	-0.17	0.69	-0.04	1.15	0.56	0.01	0.03	0.02	1.23	-0.02	0.60
20 (3x6)	-1.64	-1.25	-1.45	1.26	-0.03	0.61	-0.80	-4.39	-2.59	-0.01	0.01	0.00	1.28	-0.21	0.53
21 (3x7)	-1.30	2.13	0.41	-0.57	1.54	0.48	-1.64	1.16	-0.24	-0.03	0.06	0.02	1.15	0.13	0.64
22 (3x8)	0.99	-0.59	0.20	-0.58	0.14	-0.22	2.04	-5.39	-1.67	-0.02	0.07	0.03	1.04	0.02	0.53
23 (3x9)	-0.14	-1.69	-0.92	0.08	0.09	0.09	2.91	0.30	1.60	0.00	-0.11	-0.05	0.55	-0.04	0.25
24 (3x10)	0.21	-1.20	-0.50	-0.94	-1.01	-0.97	-3.68	-3.97	-3.83	0.01	0.02	0.01	0.44	-0.05	0.19
25 (4x5)	1.38	-2.56	-0.59	0.23	0.33	0.28	-0.68	-1.82	-1.25	-0.03	-0.02	-0.02	-0.08	-0.30	-0.19
26 (4x6)	1.12	2.31	1.71	-0.13	-0.12	-0.12	-1.65	-1.14	-1.39	0.02	-0.02	0.00	0.79	0.03	0.41
27 (4x7)	0.35	-2.13	-0.89	0.13	0.44	0.28	0.69	-0.97	-0.14	-0.01	-0.03	-0.02	0.68	-0.05	0.32
28 (4x8)	-1.06	-0.16	-0.61	0.87	0.55	0.71	-0.79	1.19	0.20	-0.02	0.02	0.00	1.10	0.12	0.61
29 (4x9)	-0.36	1.19	0.41	1.00	0.71	0.86	4.94	-1.07	1.94	-0.03	0.01	-0.01	1.52	0.16	0.84
30 (4x10)	-2.73	-1.79	-2.26	-0.20	-0.78	-0.49	-0.13	-3.41	-1.77	-0.03	-0.01	-0.02	0.00	-0.12	-0.06
31 (5x6)	0.77	0.06	0.42	0.22	-0.49	-0.14	-0.13	-0.35	-0.24	-0.03	0.00	-0.02	1.93	0.27	1.10
32 (5x7)	0.42	-1.03	-0.31	0.60	-0.05	0.28	-2.29	-0.60	-1.45	0.00	-0.01	0.00	0.28	-0.03	0.12
33 (5x8)	-5.87	-2.07	-3.97	-0.19	0.30	0.06	1.54	-2.00	-0.23	-0.02	0.00	-0.01	0.73	0.03	0.38
34 (5x9)	2.57	0.28	1.43	0.13	0.05	0.09	2.80	2.55	2.68	0.03	0.01	0.02	1.84	0.26	1.05
35 (5x10)	-0.38	0.23	-0.08	-2.35	-0.16	-1.26	1.31	0.84	1.08	0.00	-0.01	0.00	0.31	0.05	0.18
36 (6x7)	0.52	0.54	0.53	-0.30	-0.92	-0.61	-1.35	2.24	0.45	0.01	-0.02	-0.01	-0.11	-0.13	-0.12
37 (6x8)	-0.05	4.26	2.11	-0.80	1.10	0.15	0.98	1.75	1.36	-0.02	0.00	-0.01	0.55	-0.04	0.26
38 (6x9)	1.96	1.38	1.67	-0.23	-0.20	-0.21	-0.11	3.03	1.46	0.01	0.04	0.03	1.87	0.15	1.01
39 (6x10)	1.34	0.26	0.80	0.31	0.94	0.63	6.13	-1.44	2.34	-0.02	0.00	-0.01	0.53	0.06	0.29
40 (7x8)	1.04	-1.48	-0.22	0.43	-0.01	0.21	2.72	-1.60	0.56	0.05	-0.02	0.01	1.77	-0.01	0.88
41 (7x9)	0.37	2.54	1.46	0.07	1.64	0.85	-0.77	-2.11	-1.44	-0.01	-0.01	-0.01	1.58	0.16	0.87
42 (7x10)	0.98	-2.50	-0.76	0.72	-0.18	0.27	0.34	1.30	0.82	-0.03	-0.04	-0.04	2.51	0.32	1.41
43 (8x9)	1.10	2.79	1.94	0.30	0.05	0.17	-2.23	1.13	-0.55	-0.03	0.02	0.00	0.45	-0.12	0.17
44 (8x10)	0.81	-0.73	0.04	0.13	-0.47	-0.17	0.69	1.13	0.91	0.00	-0.02	-0.01	0.77	-0.32	0.22
45 (9x10)	-2.09	-2.81	-2.45	0.37	-1.25	-0.44	-2.97	3.24	0.14	0.02	0.00	0.01	0.62	0.09	0.35

* EP= Estatura de planta, NE P¹ = - Número de espigas por planta, NG E¹ = Número de grãos por espiga, MCG: Massa de cem grãos e, PG P¹ = produção de grãos por planta.

**1=BRS Guamirim, 2=UTF 0605, 3=Fundacep 50, 4=BRS 208, 5=CD 115, 6=BRS Louro, 7=BRS Timbaúva, 8=Pampeano, 9=Abalone, 10=BRS Figueira.

***Combinações híbridas

As associações positivas e de elevada a moderada magnitude entre a CGC e PGP ($F_1=0,75$ e $F_2=0,81$), NGE ($F_1=0,61$ e $F_2=0,60$) e EP ($F_1=0,99$ e $F_2=0,98$), (Tabela 05) indicam que a CGC é um ótimo critério para a escolha de genitores para comporem blocos de cruzamento, independente da geração avaliada. Tal informação é útil aos melhoristas de trigo, principalmente pelas dificuldades na obtenção de sementes F_1 em quantidade suficiente para realização de experimentos com repetibilidade e as dificuldades são ainda maiores quando o número de genitores é aumentado.

Tabela 05. Valores de correlação entre as médias dos caracteres morfológicos e a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) nas gerações F_1 e F_2 . UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Correlações		Caracteres				
		EP	NE P ⁻¹	NG E ⁻¹	MCG	PG P ⁻¹
F ₁	CGC	0,99*	0,49*	0,61*	0,38	0,75*
	CEC	0,26	0,00	0,01	0,03	0,04
F ₂	CGC	0,98*	0,41*	0,60*	0,48*	0,81*
	CEC	0,40	0,02	0,08	0,10	0,02

** e * Valores significativos a 1% e 5% de probabilidade respectivamente, pelo teste T para GL – 2.

Entretanto, o desempenho dos caracteres avaliados não foi associado com a CEC, em ambas as gerações avaliadas, provavelmente devido às ações gênicas não aditivas. Isto sugere que a seleção poderia ser mais eficiente em gerações mais avançadas, onde os efeitos não aditivos seriam menos pronunciados. Tal resultado reforça a premissa que a seleção de cruzamentos deverá recair sobre àqueles com elevada CEC, cujos genitores também apresentem média elevada para o caráter que estiver sendo melhorado e com pelo menos um genitor com elevada CGC (Lorencetti et al.; 2005; Benin et al., 2009).

2.4 CONCLUSÕES

Em ambas as gerações (F_1 e F_2) avaliadas, os efeitos gênicos aditivos foram, proporcionalmente, mais importantes aos não-aditivos, na manifestação dos caracteres estudados;

Os genitores mais promissores quanto a participação de efeitos gênicos aditivos na manifestação dos caracteres estudados foram: FUNDACEP 50

(rendimento de grãos por planta e massa de cem grãos), Pampeano e BRS Timbaúva (número de grãos por espiga), BRS Figueira (número de espigas por planta) e UTF 0605 e BRS Guamirim (estatura de planta);

Os resultados de CGC e CEC sugerem que os cruzamentos BRS Timbaúva x BRS Figueira, BRS Timbaúva x UTF 0605, FUNDACEP 50 X UTF 0605, BRS Guamirim x Pampeano, BRS Guamirim x BRS 208, CD 115 x Abalone, estão entre os mais promissores para produzir populações com elevada frequência de segregantes transgressivos, para o rendimento de grãos e seus componentes;

As associações positivas e de elevada a moderada magnitude entre a CGC e o desempenho dos caracteres avaliados indicam que a CGC é um ótimo critério para a escolha de genitores para comporem blocos de cruzamento, independente da geração avaliada.

2.5 REFERÊNCIAS

BARBIERI R.L.; CARVALHO F.I.F.; BARBOSA NETO J.F.; CAETANO V.R.; MARCHIORO V.S.; AZEVEDO R.; LONRECETTI C. Análise dialélica para tolerância ao vírus-do-nanismo-amarelo-da-cevada em cultivares brasileiras de trigo. Pesquisa Agropecuária brasileira, Brasília, v. 36, n. 1, p. 131-135, 2001.

BENIN, G.; OLEGÁRIO, G. S.; PAGLIOSA, E. S.; LEMES, C.; SIGNORINI, A.; BECHE, E.; CAPELIN, M. A. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.44, n.9, p.1145-1151, set. 2009.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A. AND VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.44, n.2, p.155-163, 2009.

BHERING, S. B.; SANTOS, H. G. DOS; BOGNOLA, I. A.; CÚRCIO, G. R.; MANZATTO, C. V.; CARVALHO JUNIOR, W. DE; CHAGAS, C. DA S.; ÁGLIO, M. L. D. & SOUZA, J. S. DE. Mapa de solos do Estado do Paraná: legenda atualizada. Rio de Janeiro : EMBRAPA/IAPAR. 2008.

COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. Recomendações da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo. Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 2005.

CRUZ, C. D. Programa GENES: versão Windows, aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, 1997.

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

DHONDE, S.R.; KUTE, N.S.; KANAWADE, D.G. and SARODE, N.D. Variability and characters association in the wheat (*Triticum aestivum*). Agriculture Science Digest, 20: 99-101. 2000.

FARSHADFAR E.; MAHJOURI S.; Aghaee M. Detection of Epistasis and Estimation of Additive and Dominance Components of Genetic Variation for Drought Tolerance in Durum Wheat. Journal of Biological Sciences; Issue: 3; pp: 598-603; Vol: 8; Year: 2008.

FONTANELI, R. S.; FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos; ACOSTA, A. da S.; CARVALHO, O. S. Cereais de inverno de duplo propósito na integração lavoura-

pecuária: aveia, cevada, centeio, trigo, triticale. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. 24 p. (Embrapa Trigo. Documentos, 79). Convênio INCRA/FAPEG/EMBRAPA.

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

HASNAIN, Z.; ABBAS, G.; SAEED, A.; SHAKEEL, A.; MUHAMMAD, A.; RAHIM, M.A. combining ability for plant height and yield related traits in wheat, *Triticum aestivum* L. *Journal Agriculture Reseach.*, 2006.

IGBAL, M., A. KHURSHID, M.A. CHOWDHRY, M. IGBAL and K. ASLAM. Genetic analysis of plant height and the traits above flag leaf node in bread wheat. *Sarhad Journal of Agriculture.*, 7: 131-134. 1991.

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

KAMALUDDIN, R. M.; SINGH, L. C. P.; MALIK Z.; JOSHI A.K. Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). *Genetics and Molecular Biology*, 30, 2, 411-416, 2007.

KRYSTKOWIAK K. Æ T. ADAMSKI Æ M. SURMA Æ Z. KACZMAREK. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.) *Euphytica*, Dordrech, 165:419–434 DOI 10.1007/s10681-008-9761-y. 2009.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; BENIN, G.; MARCHIORO, V.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P. Capacidade combinatória e heterose em cruzamento dialélico de Aveia (*Avena sativa* L.). *Revista Brasileira de Agrociência*, v.11, n.2, p. 143-148, 2005.

MATHER, K. and JINKS, J. L. 1982. *Biometrical Genetics*, 3rd Edn. Chapman and Hall, London.

MATHER. K. & JINKS, J.L. *Biometrical genetics. The study of continuous variation*. 2.ed. London, Chapman and Hall, 1971. 382p.

MENON, U.; SHARMA, S. N. Genetics of yield determining factors in spring wheat over environments. *Indian Journal Genetic*, v.57, p.301-306, 1997.

PATIL, M.S.; B.S. MANAKA; V.M. CHAVAN, and U.G. KACHOLE. Diallel analysis in bread wheat. *Indian Journal Genetics and Plant Breeding*, 56: 320-323. 1995.

PFANN, A.Z.; FARIAI, M.V.; ANDRADE, A.A. de; NASCIMENTO, I.R. do; FARIA, C.M.D.R.; BRINGHENTTI, R.M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em diallelo circulante. *Ciência Rural*, v.39, p.635-641, 2009.

POKHREL, P.R.; BURDEN, A.M.; DRAGAUTSEV, V.A. Harvest index and grain sink size in wheat. *Plant Breeding*,v.57, p.361-365. 1993.

SABOUR, M.S.A.; A.M. HASSAN; A.A.A. SHAFI; H.S. SHERIF and A. A. HAMADA. Genetic analysis of diallel crossin bread wheat under different environment condition in Egypt. *Indian Journal Genetics and Plant Breeding*, 56: 49-61. 1996.

SHEIKH, S.; SINGH, I.; SINGH, J. Inheritance of some quantitative traits in bread wheat (*T. aestivum* L. em. Thell.). *Annual Agriculture Research*. V.21, 51-54. 2000.

SINGH H.; SHARMA S.N.; SAIN, R.S. Combining ability for some quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Agricultural Research Station, Durgapura-302 018*, 2004.

TOPAL A.; AYDIN C.; AKGÜN N.; BABA OGLU M. Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. *Field Crops Research*, Volume 87, Issue 1, 2004.

YANG, Y. H.; DUDOIT, S.; LUU, P.; LIN, D. M.; PENG, V.; NGAI, J.; SPEED, T. P.; Normalization for cDNA microarray data: a robust composite method addressing single and multiple slide systematic variation. *Nucleic Acids Research*, Vol. 30, No. 4 e15, Oxford University Press 2002.

3 CAPÍTULO II - EFEITOS DA HETEROSE, HETEROBELTIOSE E ENDOGAMIA EM CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM TRIGO

3.1 INTRODUÇÃO

A exploração dos efeitos heteróticos como possibilidade de prever o desempenho da progênie de um cruzamento é de grande valia para o sucesso de um programa de melhoramento genético, pois permite ao melhorista direcionar esforços àquelas combinações com maior potencial genético.

Neste contexto a elevada heterose é indicativo da presença de grande número de alelos dominantes, o que resulta em maior variabilidade genética nas gerações subseqüentes e, desta forma, incrementa a possibilidade de recuperação de genótipos superiores. Entretanto, em autógamias, o sucesso desta predição está embasado na predominância da ação gênica aditiva do caráter em questão (MOLL STUBER, 1974), ou seja, após o processo de endogamia os genes benéficos para o caráter permaneçam manifestados na população.

A principal estratégia para se reduzir os efeitos genéticos não aditivos é através do processo de endogamia, que possibilita a formação de diferentes classes genótípicas com aumento da freqüência de alelos homozigotos. A perda de vigor por este processo é caracterizada como depressão por endogamia e, quanto menor for, maior será a amplitude de classes genótípicas superiores que serão obtidas na população básica de seleção.

A heterose e heterobeltiose são sensivelmente influenciadas pelos genótipos envolvidos nas hibridações, bem como pela característica em questão. Avaliando seus efeitos na produtividade de grãos em trigo Hussain et al. (2007) encontrou valores positivos e negativos para heterose (-11,14% e 52,01%) e heterobeltiose (-15,48% e 48,19%) em 15 combinações. Efeitos heteróticos superiores a 60% foram obtidos por Larik et al, (1995). Além da produtividade de grãos existem relatos da presença de heterose positiva para outros caracteres em trigo (JOSHI et al., 2003; NAZEER et al., 2004; ARZANI, 2008; BERTAN, 2009). Krishna & Ahmad (1992) encontraram a maior heterose para massa de grãos (14,6%) e número de grãos por espiga (13,12 %). Khan e Khan (1996) observaram que a máxima heterose foi obtida para perfilhos por planta (31,91%), seguido pela

massa de grãos (17,32%), número de grãos por espiga (11,37%) e altura de planta (5,23%). Estes autores também relatam a presença de heterose negativa para estes caracteres.

O conhecimento da heterose e heterobeltiose de diversas combinações em trigo possibilita a exploração da heterose residual, uma vez que comercialmente não é viável a produção de sementes híbridas (BRIGGLE, 1963; SINDHU & SINGH, 1975). Estes estudos quando relacionados à depressão endogâmica podem fornecer informações úteis acerca da capacidade combinatória dos pais e de sua utilidade em programas de melhoramento (SHARMA et al., 1984; MENON & SHARMA, 1995).

Assim, o presente trabalho tem por objetivo estimar, mediante um cruzamento dialélico envolvendo dez genitores, a heterose, a heterobeltiose e a depressão endogâmica e indicar as combinações híbridas mais promissoras à maximização da seleção de caracteres de interesse agrônômico em trigo.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental do Curso de Agronomia da UTFPR, em Pato Branco-PR (26⁰10' S; 52⁰41'W e 743 m) que apresenta solo classificado como Latossolo Vermelho aluminoférrico de textura argilosa, situado em relevo suave ondulado.

Dez genótipos de trigo (UTF 0605, BRS Figueira, BRS Louro, BRS Guamirim, BRS Timbaúva, BRS 208, Pampeano, CD 115, FUNDACEP 50 e Abalone), escolhidos com base no rendimento de grãos e caracteres agrônômicos de interesse, bem como pela dissimilaridade morfológica apresentada pelos mesmos, foram cruzados em forma de dialelo completo, sem os recíprocos, totalizando 45 combinações híbridas.

As sementes F₁ foram obtidas em casa de vegetação, no ano de 2006. No mesmo ano, uma amostra das sementes F₁ de cada cruzamento foi semeada em casa de vegetação visando o avanço para a geração F₂. As sementes remanescentes foram mantidas em condições controladas.

Em julho de 2007 os híbridos F₁, as populações F₂ e os genitores foram conduzidos em delineamento completamente casualizado com três repetições. As

parcelas experimentais foram compostas por 20 plantas para os híbridos F_1 , 40 plantas para os pais e 40 para as populações F_2 , espaçadas em 30 cm entre plantas e entre linhas. A adubação de base foi de 250 kg ha^{-1} de NPK (8-20-20) e mais 50 kg ha^{-1} de nitrogênio aplicado no início do afilhamento. Também foi efetuado controle de moléstias de parte aérea, com duas aplicações de fungicida Tebuconazole, na dose de 0,75 L ha^{-1} , sendo a primeira aplicação no surgimento das pústulas da ferrugem da folha (*Puccinia triticina*) e a segunda no ressurgimento das mesmas. Os demais tratos culturais foram de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do trigo (COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 2006). Foram avaliados os seguintes caracteres: estatura de planta (EP), pelo comprimento do colmo, em centímetros, desde a superfície do solo até o ápice da inflorescência, excluindo as aristas; número de espigas por planta (NE P^{-1}), contando individualmente as espigas de cada planta; número de grãos por espiga (NG E^{-1}), contando o número total de grãos de cada planta e dividido pelo número de espigas; massa de 100 grãos (MCG), obtido mediante a massa de 200 grãos (em gramas) e extrapolado para 1000 unidades; rendimento de grãos por planta (RG P^{-1}), obtido pela medição da massa da produção de grãos das plantas trilhadas individualmente, em gramas.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta das duas gerações avaliadas. A heterose foi obtida em relação à média dos genitores ($H_{MP} = \frac{\bar{F}_1 - \overline{MG}}{\overline{MG}} * 100$) e ao genitor superior, denominada de heterobeltiose ($H_{PS} = \frac{\bar{F}_1 - \overline{GS}}{\overline{GS}} * 100$), onde: H_{MP} é a estimativa da heterose em relação à média dos genitores; \bar{F}_1 é a média do híbrido; \overline{MG} é a média dos genitores; H_{PS} é a estimativa da heterobeltiose; e, \overline{GS} é a média do genitor superior (GARDNER e EBERHART, 1966). A significância estatística dos valores da heterose e heterobeltiose foram verificadas por meio do teste “t”. O cálculo da depressão endogâmica pelos efeitos da endogamia foi realizado com base na fórmula a seguir, levando em consideração o desempenho médio das populações em ambas as gerações: ($DE = \frac{\bar{F}_1 - \bar{F}_2}{\bar{F}_1} * 100$), onde, DE = depressão endogâmica ou

perda de vigor em porcentagem, \bar{F}_1 = média do caráter na geração F_1 e \bar{F}_2 = média do caráter na geração F_2 .

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da variância revelou presença de interação entre os híbridos (F_1) e as populações segregantes (F_2) para todos os caracteres testados, evidenciando a necessidade de desdobramento das interações pela decomposição em seus efeitos simples. Estes resultados concordam com aqueles obtidos por Joshi et al. (2003), que observaram diferenças significativas entre pais e F_1 's e entre pais e F_2 's para caracteres produção de grãos por espiga, grãos por espiga, massa de grãos e produção de grãos por planta. Da mesma forma, Nazeer et al. (2004) encontraram diferenças para altura da planta, número de perfilhos por planta, dias para a floração, dias para maturação, período de enchimento de grãos e área da folha bandeira. Hussain et al. (2007), também observaram significância para altura de planta, perfilhos férteis por planta, número de grãos por espiga, massa de grãos e produtividade de grãos por planta. Entretanto, Bertan (2009) não observou interação entre as gerações F_1 e F_2 para os caracteres estatura de planta, número de grãos por planta e produção de grãos por planta, destacando um comportamento similar entre as duas gerações.

Os coeficientes de variação experimental foram baixos nas duas gerações, variando de 3,86 a 12,27%, sendo um indício de alta precisão experimental e de confiabilidade nos dados apresentados.

Tabela 06. Resumo da análise de variância individual e conjunta das gerações F_1 e F_2 e amplitudes observadas na análise de quarenta e cinco populações e dez genitores de um cruzamento dialélico completo em trigo, sem os recíprocos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Fontes de Variação	G.L.	Caracteres/Quadrados médios (Análise conjunta F_1 e F_2)					
		EP ¹	NE P ⁻¹	NG E ⁻¹	MCG	PG P ⁻¹	
Geração F_1	54	162,5*	3,5*	0,5*	3,72*	5,52*	
Geração F_2	54	169,1*	3,2*	47*	0,03*	0,19*	
$F_1 \times F_2$	1	1,6*	1,4 *	27103*	51815*	1646*	
Resíduo	216	6,7	0,67	3,8	0,07	0,16	
Amplitudes e Coeficientes de Variação							
Geração F_1	Amplitude	máx.	74,75	14,10	43,17	33,10	9,94
		mín.	32,50	7,00	10,92	27,50	3,63
	Cv (%)		3,86	7,61	5,87	12,27	7,80
Geração F_2	Amplitude	máx.	75,47	14,10	36,55	33,00	10,25
		mín.	32,50	6,63	12,70	25,30	3,18
	Cv (%)		4,81	9,82	11,97	5,24	5,07

EP – Estatura de planta, NE P⁻¹ -Número de espigas por planta, NG E⁻¹ - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos, PG P⁻¹ – produção de grãos por planta e Cv (%) – coeficiente de variação em porcentagem. (*) valores significativos a 5% de probabilidade pelo teste F.

As altas dispersões entre os valores máximos e mínimos das amplitudes de variação são um forte indicativo da presença de variabilidade genética entre as populações avaliadas. Os valores apresentados pelos híbridos F_1 demonstram unicamente a variação existente entre as populações, desconsiderando-se os fatores ambientais. Já as amplitudes das populações F_2 refletem as diferenças genéticas entre e dentro das distintas combinações avaliadas. Assim, pode ser observado que a máxima amplitude na geração F_2 , para o caráter PG P⁻¹, é superior àquela apresentada na geração F_1 , o que leva a conclusão de que os mecanismos genéticos de dominância, epistasia e sobredominância, responsáveis pela expressão da heterose, estão presentes. Segundo Joshi et al. (2003), se a dominância e epistasia estão causando heterose, deverá ser possível recuperar linhas homozigótica tão boas quanto os híbridos heteróticos. No entanto, a probabilidade de recuperação dependerá da relação de vinculação dos genes envolvidos e capacidade de identificar os recombinantes.

Na Tabela 07 constam as médias para os caracteres EP, NE P⁻¹, NG E⁻¹, MMG e PG P⁻¹, respectivamente. Os dados referentes às médias facilitam a visualização dos resultados, permitindo a utilização conjunta com os dados da heterose e heterobeltiose, para a escolha de populações promissoras. Os parentais FUNDACEP 50 e Pampeano apresentaram o melhor desempenho médio para o

caráter PG P⁻¹, com rendimentos de 8,5 e 7,6 gramas por planta (Tabela 07). Pode ser observado, também, que algumas das melhores combinações híbridas para PG.P⁻¹ resultaram da combinação entre eles, ou então, onde pelo menos um parental esteve envolvido. No entanto foram superados por BRS 208 e Abalone em número de cruzamentos com produções superiores; indicando que estes últimos apesar de não apresentarem desempenho per se superiores, possuem habilidade de combinação específica com muitos dos genitores avaliados. Os melhores resultados para MMG foram observados nos genótipos BRS 208 e Fundacep 50, com médias de 3,2 e 3,1 gramas, respectivamente. O genótipo Pampeano foi o que apresentou o maior NG E⁻¹ (34,8), fator de grande relevância uma vez que esta característica apresenta correlação com PG P⁻¹ na combinações híbridas (Tabela 10). Para NE P⁻¹ o genótipo BRS Figueira foi o que apresentou o maior valor (13,5) diferindo dos demais, embora esta característica seja correlacionada com rendimento (Tabela 10), as combinações envolvendo este material não foram as melhores para esta característica. Este fato pode estar relacionado à baixa adaptação do material nas condições de cultivo empregadas, uma vez que boas combinações são provenientes de genótipos elites, mas que, segundo Silva et al., (2007) apresentem elevado grau de dissimilaridade genética. A maior altura de planta foi obtida pelo genótipo Pampeano (71 cm) e a menor por UTF 0605 (33 cm). Este merece destaque quando o objetivo for à redução do porte da progênie a ser selecionada.

Tabela 07. Médias de quarenta e cinco populações e seus respectivos genitores, nas gerações F₁ e F₂, em cinco caracteres agrônômicos de trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Genitores		Caracteres*									
		EP ¹		NE P ⁻¹		NG E ⁻¹		MCG		PG P ⁻¹	
1	BRS Guamirim	54 d		9,1 b		19,4 c		2,9 c		4,8 c	
2	UTF 0605	33 e		7,5 b		20,3 c		2,8 d		3,9 c	
3	FUNDACEP 50	68 b		9,6 b		25,0 b		3,1 a		7,6 a	
4	BRS 208	62 c		8,8 b		21,2 c		3,2 a		6,0 b	
5	CD 115	62 c		8,9 b		22,1 c		3,0 b		6,2 b	
6	BRS Louro	57 d		8,6 b		25,0 b		3,0 b		6,5 b	
7	BRS Timbaúva	66 b		8,3 b		24,1 b		2,9 c		6,1 b	
8	Pampeano	71 a		8,1 b		34,8 a		3,0 b		8,5 a	
9	Abalone	57 d		9,1 b		21,2 c		3,0 b		5,7 b	
10	BRS Figueira	56 d		13,5 a		13,1 d		2,8 d		4,7 c	
Populações		F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
1	BRS Guamirim x UTF 0605	43 n	45 d	8,5 b	7,8 b	14 a	15 c	2,9 b	2,9 h	5,8 b	4,8 d
2	BRS Guamirim x FUNDACEP 50	64 d	65 a	9,5 a	9,9 a	27 a	25 b	3,2 a	3,0 c	8,1 a	7,2 b

Continuação da tabela 07.

3	BRS Guamirim x BRS 208	57 h	58 b	9,6 a	7,8 b	26 a	24 b	3,1 b	3,0 f	8,2 a	7,8 a
4	BRS Guamirim x CD 115	61 f	58 b	10,7 a	10,3 a	22 a	20 c	3,0 b	3,0 g	7,8 a	6,2 c
5	BRS Guamirim x BRS Louro	58 g	56 b	9,4 a	10,1 a	24 a	22 b	3,0 b	2,9 g	5,7 b	5,7 c
6	BRS Guamirim x BRS Timbaúva	58 g	59 b	8,7 b	8,6 b	22 a	24 b	3,0 b	2,9 g	5,5 b	5,3 c
7	BRS Guamirim x Pampeano	61 f	61 b	9,1 a	8,3 b	25 a	24 b	3,0 b	3,0 g	8,4 a	7,8 a
8	BRS Guamirim x Abalone	55 i	54 c	10,2a	9,8 a	19 a	18 c	3,1 b	3,0 f	6,6 b	6,2 c
9	BRS Guamirim x BRS Figueira	61 f	63 a	7,9 b	9,5 a	22 a	27 a	2,9 b	2,9 h	5,2 b	4,8 d
10	UTF 0605 x FUNDACEP 50	57 h	52 c	9,5 a	10,2 a	28 a	25 b	3,2 a	3,0 c	8,6 a	6,7 b
11	UTF 0605 x BRS 208	53 j	47 d	8,0 b	7,7 b	27 a	27 a	3,2 a	3,0 c	6,9 b	6,2 c
12	UTF 0605 x CD 115	47 l	66 a	7,9 b	8,3 b	19 a	18 c	3,0 b	2,9 g	5,0 b	4,4 d
13	UTF 0605 x BRS Louro	45 m	46 d	8,5 b	9,5 a	21 a	21 c	3,0 b	3,0 f	6,6 b	5,7 c
14	UTF 0605 x BRS Timbaúva	51 k	48 d	9,0 a	9,0 b	23 a	29 a	3,0 b	2,9 h	7,4 a	6,7 b
15	UTF 0605 x Pampeano	51 k	48 d	7,5 b	7,7 b	17 a	16 c	3,0 b	2,5 j	6,1 b	5,2 c
16	UTF 0605 x Abalone	45 m	41 d	7,7 b	8,3 b	17 a	22 b	3,0 b	3,0 g	5,7 b	5,2 c
17	UTF 0605 x BRS Figueira	43 n	47 d	7,5 b	8,9 b	16 a	17 c	2,8 b	2,8 i	5,0 b	3,6 e
18	FUNDACEP 50 x BRS 208	64 d	67 a	9,4 a	9,6 a	16 a	26 a	3,3 a	3,2 a	9,6 a	8,4 a
19	FUNDACEP 50 x CD 115	66 c	64 a	11,3 a	9,8 a	16 a	23 b	3,3 a	3,2 a	8,6 a	7,3 b
20	FUNDACEP 50 x BRS Louro	63 e	63 a	10,8 a	10,0 a	16 a	19 c	3,2 a	3,2 a	8,6 a	6,2 c
21	FUNDACEP 50 x BRS Timbaúva	67 c	68 a	9,0 a	11,5 a	25 a	26 a	3,2 a	3,2 a	8,7 a	8,4 a
22	FUNDACEP 50 x Pampeano	70 a	68 a	8,6 b	9,6 a	28 a	20 c	3,2 a	3,2 a	8,8 a	8,4 a
23	FUNDACEP 50 x Abalone	63 e	60 b	10,0a	10,2 a	24 a	23 b	3,2 a	3,0 e	8,1 a	7,3 b
24	FUNDACEP 50 x BRS Figueira	63 e	61 b	9,3 a	9,8 a	20 a	16 c	3,0 b	3,0 e	6,8 b	5,7 c
25	BRS 208 x CD 115	63 e	60 b	9,7 a	9,3 b	24 a	20 c	3,2 a	3,0 c	6,5 b	5,3 c
26	BRS 208 x BRS Louro	61 f	62 a	9,2 a	9,0 b	24 a	22 b	3,2 a	3,0 c	7,4 a	7,3 b
27	BRS 208 x BRS Timbaúva	64 d	60 b	9,4 a	9,5 a	24 a	24 b	3,1 a	3,0 e	7,6 a	6,7 b
28	BRS 208 x Pampeano	64 d	65 a	9,7 a	9,2 b	30 a	27 a	3,1 a	3,0 c	8,2 a	8,4 a
29	BRS 208 x Abalone	59 g	59 b	10,7 a	9,9 a	27 a	22 b	3,2 a	3,0 c	8,4 a	7,8 a
30	BRS 208 x BRS Figueira	56 h	56 b	9,8 a	9,0 b	16 a	16 c	3,0 b	3,0 g	5,7 b	4,8 d
31	CD 115 x BRS Louro	61 f	62 a	9,5 a	8,9 b	22 a	22 b	3,1 a	3,1 d	8,3 a	7,8 a
32	CD 115 x BRS Timbaúva	65 d	63 a	9,9 a	9,3 b	25 a	23 b	3,0 b	3,0 f	6,9 b	6,7 b
33	CD 115 x Pampeano	60 f	65 a	8,6 b	9,2 b	26 a	22 b	3,0 b	3,0 f	7,4 a	7,3 b
34	CD 115 x Abalone	62 e	60b	9,7 a	9,6 a	28 a	24 b	3,1 b	3,1 d	8,4 a	8,4 a
35	CD 115 x BRS Figueira	59 g	60 b	7,6 b	10,0 a	19 a	19 c	2,9 b	2,9 h	5,7 b	5,3 c
36	BRS Louro x BRS Timbaúva	63 e	62 a	8,7 b	8,6 b	23 a	28 a	3,0 b	3,0 f	6,5 b	6,3 c
37	BRS Louro x Pampeano	64 d	69 a	7,8 b	10,1 a	29 a	28 a	3,1 b	3,0 f	7,4 a	7,3 b
38	BRS Louro x Abalone	60 f	59 b	9,2 a	9,5 a	27 a	26 a	3,1 b	3,0 c	8,5 a	7,8 a
39	BRS Louro x BRS Figueira	59 g	58 b	10,0a	11,3 a	22 a	18 c	3,1 b	2,9 h	5,9 b	5,7 c
40	BRS Timbaúva x Pampeano	69 b	65 a	9,1 a	8,9 b	30 a	26 a	3,0 b	2,9 h	8,8 a	7,3 b
41	BRS Timbaúva x Abalone	62 e	62 a	9,5 a	11,2 a	24 a	23 b	3,0 b	3,0 f	8,4 a	7,8 a
42	BRS Timbaúva x BRS Figueira	62 e	56 b	10,5 a	10,0 a	26 a	23 b	2,9 b	2,8 i	8,2 a	7, 3 b
43	Pampeano x Abalone	64 d	65 a	9,3 a	9,2 b	27 a	27 a	3,1 b	3,0 f	7,4 a	6,7 b
44	Pampeano x BRS Figueira	63 e	62 b	9,5 a	9,3 b	24 a	23 b	2,9 b	2,8 i	6,6 b	4,4 d
45	Abalone x BRS Figueira	55 i	53 c	10,5 a	9,0 b	20 a	22 b	2,9 b	2,9 h	6,2 b	5,7 c
	Média geral	59	59	9,3	9,4	24	23,1	3,1	3,0	7,2	6,8

EP- Estatura de planta, NE.P¹ - Número de espigas por planta, NG.E - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos e PG.P¹ - produção de grãos por planta.

As combinações híbridas 22, 21, 18, 28, 7, 29, 34, 38, 41, 3 e 31 são as que apresentaram o melhor desempenho médio para o caráter PG P¹, tanto na geração F₁, quanto na F₂. Entretanto as combinações 3, 14, 29, 34, 41 se destacam

por serem as melhores constituições quando se considera os resultados de heterose, heterobeltiose e depressão endogâmica em conjunto (Tabela 08). Além de apresentarem os melhores valores para heterose ($F_1= 51,5; 47,9; 43,6; 40,4, 42,3\%$ e $F_2= 44,2; 39,4; 36,9; 37,7, 37,5\%$, respectivamente) e heterobeltiose ($F_1= 36,8; 21,4; 40; 34,4; 29,3; 37,2\%$ e $F_2= 30,2; 14,4; 33,5; 31,8; 18,7; 32,7$, respectivamente) também apresentaram as menores depressões endogâmicas (4,8; 5,8; 4,7; 1,9; 3,3, respectivamente). A reduzida perda de vigor pela endogamia, possivelmente está atrelada a predominância de ação gênica aditiva e/ou complementaridade genética. Avaliando produção de grãos por planta Hussain et al. (2007) encontraram significância positiva para heterose (1,43 a 52,01%) e heterobeltiose (5,0 a 48,19%) em três das 15 combinações testadas. Também em trigo Mehla et al. (2000) observaram heterose e depressão por endogamia variável com o cruzamento e a característica em questão.

Ainda na Tabela 07, pode ser observado que as combinações híbridas 34 e 28 apresentaram desempenhos superiores da população F_2 em relação a F_1 possivelmente pela recombinação de locos distintos no F_1 . Estes locos são controlados por três possíveis formas de ações gênicas, dominância, sobredominância e epistasia (BORÉM & MIRANDA, 2005), sendo as duas últimas mais características para este tipo de comportamento. Apesar deste indício, em autógamias ainda não é claro qual ação gênica é mais característica para explicar as bases genéticas da heterose, pois cada conjunto gênico pode apresentar um comportamento diferenciado (NAZEER et al, 2004). Os dados obtidos concordam com aqueles obtidos por Bertan (2009) que, além da recombinação de locos distintos, atribuiu a tal comportamento a reduzida capacidade de combinação dos genitores existentes no F_1 . Também, para o caráter PG P^{-1} , se destacaram as combinações 31, 3, 5, 29, 34, 38 e 41, provenientes de parentais com desempenho per se médio a baixo. Da mesma forma, outros autores observaram que genitores com média per se baixa podem resultar em combinações híbridas heteróticas e com reduzida depressão endogâmica na geração F_2 (JOSHI et al., 2003; BERTAN, 2009). Isto é possível devido a capacidade de complementação alélica desses parentais que mesmo apresentando baixo desempenho possuem genes interessantes para o caráter, e mesmo estes não sendo expressos apresentam possibilidades de transmissão a sua progênie.

Tabela 08. Heterose nas gerações F_1 e F_2 e depressão endogâmica ($DE = F_1 - F_2$), em porcentagem, de quarenta e cinco progênes de trigo para cinco caracteres agrônômicos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Cruzamentos	EP			NE P ⁻¹			NG E ⁻¹			MCG			PG P ⁻¹		
	Heterose			Heterose			Heterose			Heterose			Heterose		
	F ₁	F ₂	DE	F ₁	F ₂	DE	F ₁	F ₂	DE	F ₁	F ₂	DE	F ₁	F ₂	DE
1 BRS Guamirim x UTF 0605	-0,8 ¹	4,2	-5,0	3,3	-3,9	6,9	-24,7*	-18,9*	-7,7	1,8	1,3*	0,6	32,7*	12,6*	15,2
2 BRS Guamirim x FUNDACEP 50	4,5*	6,9*	-2,2	-8,5	-14,8	-4,5	24,7*	14,3*	8,4	3,1	1,5*	1,6	30,9*	22,3*	6,6
3 BRS Guamirim x BRS 208	-2,1	0,3	-2,5	6,4	-12,7*	17,9	28,9*	22,2*	5,2	0,2	-1,7*	1,8	51,5*	44,2*	4,8
4 BRS Guamirim x CD 115	4,5*	-0,9	5,2	19,1*	14,8*	3,6	7,9*	-1,3	8,5	1,7	-0,5*	2,2	41,1*	12,5*	20,3
5 BRS Guamirim x BRS Louro	3,6	0,4	3,1	6,2	15,0*	-8,3	11,3*	2,2	8,1	1,9	-1,1*	2,9	0,9	-1,7	2,5
6 BRS Guamirim x BRS Timbaúva	-2,9	-2,3	-0,6	0,7	-0,2	0,9	-1,0	12,3	-13,4	1,6	-0,1	1,7	0,8	-0,7	1,5
7 BRS Guamirim x Pampeano	-3,3	-3,2	-0,2	6,6	-2,4	8,5	-6,2*	-7,3	1,2	0,7	-0,8	1,5	26,6*	19,7*	5,4
8 BRS Guamirim x Abalone	-1,0	-2,2	1,3	12,3*	8,3	3,6	-4,0*	-6,2	2,3	2,6	1,1*	1,4	26,5*	20,0*	5,1
9 BRS Guamirim x BRS Figueira	10,6*	16,4*	-5,2	-30,2*	-15,7*	-20,8	34,7*	69,6*	-25,9	2,6	1,5*	1,0	9,1	0,3	8,0
10 UTF 0605 x FUNDACEP 50	12,8*	3,7	8,1	10,7*	20,0*	-8,4	23,8*	10,4	10,8	4,5	2,5*	1,9	49,3*	22,3*	18,1
11 UTF 0605 x BRS 208	11,5*	-1,7	11,8	-1,6	-5,7	4,2	28,9*	29,5**	-0,5	5,0	3,2	1,7	39,3*	29,1*	7,4
12 UTF 0605 x CD 115	-1,1	37,6*	-39,1	-3,7	1,0	-4,9	-8,8*	-15,4*	7,2	1,9	0,2	1,7	-1,4	-13,1*	11,8
13 UTF 0605 x BRS Louro	-1,3	1,8	-3,1	6,3	18,4*	-11,4	-6,7*	-6,3	-0,4	2,1	1,2*	0,9	25,3*	11,0*	11,4
14 UTF 0605 x BRS Timbaúva	2,5	-2,7	5,0	14,8*	14,4*	0,4	3,4*	31,5*	-27,2	0,9	0,2	0,7	47,9*	39,4*	5,8
15 UTF 0605 x Pampeano	-1,9	-7,7*	6,0	-2,9	-0,6	-2,4	-33,8*	-41,2*	11,2	-0,4	-14,5*	14,1	-2,5	-11,5*	9,3
16 UTF 0605 x Abalone	0,7	-8,1*	8,7	-7,1	0,2	-7,9	-12,7*	8,8	-24,6	1,8	0,8	1,0	19,0*	11,8*	6,0
17 UTF 0605 x BRS Figueira	-3,1	4,3	-7,6	-28,7*	-15,7*	-18,2	-3,4*	5,1	-8,7	0,7	0,1	0,6	-9,2	-15,2*	6,6
18 FUNDACEP 50 x BRS 208	-1,5	2,9	-4,4	1,9	4,5	-2,6	11,0*	11,1	-0,1	2,5	-0,4*	2,8	40,7*	28,2*	8,9
19 FUNDACEP 50 x CD 115	2,3	-0,8	3,1	21,9*	5,1	13,7	0,4	-1,4	1,8	5,3	2,1*	3,0	22,8*	5,0*	14,5
20 FUNDACEP 50 x BRS Louro	-0,1	0,2	-0,3	18,9*	10,2	7,3	-3,5*	-21,6*	18,8	2,9	1,6*	1,3	21,6*	-9,4*	25,5
21 FUNDACEP 50 x BRS Timbaúva	10,9	13,6	-2,4	0,8	29,0*	-28,0	1,5*	7,4	-5,8	3,5	2,9*	0,6	27,0*	24,5*	2,0
22 FUNDACEP 50 x Pampeano	0,9	-1,8	2,8	-2,9	9,2	-12,5	-4,7*	-30,3*	26,9	1,9	1,4*	0,5	8,7	3,1*	5,1
23 FUNDACEP 50 x Abalone	1,7	-3,1	4,7	7,4	9,1	-1,6	5,7*	3,1	2,4	2,9	-2,7*	5,5	21,5*	13,4*	6,6
24 FUNDACEP 50 x BRS Figueira	1,7	-1,7	3,4	-19,3*	-15,2*	-5,1	6,1*	-16,8*	21,6	1,5	1,4*	0,1	9,8*	-4,5*	13,0
25 BRS 208 x CD 115	2,4	-2,8	5,0	9,4*	5,1	3,9	9,4*	-8,0	15,9	1,2	-0,7*	1,9	6,9	-13,0*	18,7
26 BRS 208 x BRS Louro	3,1	4,8	-1,6	5,2	3,7	1,5	4,8*	-2,8	7,3	0,5	-0,7*	1,3	19,0*	12,7*	5,3
27 BRS 208 x BRS Timbaúva	0,8	-5,9*	6,6	10,2*	11,4*	-1,1	3,8*	5,4	-1,5	-0,7	-1,7*	1,0	25,3*	14,8*	8,4

Continuação da tabela 08.

28	BRS 208 x Pampeano	-6,4**	-5,6*	-0,8	15,5*	8,3	6,2	8,8*	-3,5	11,3	-1,0	-1,4*	0,4	12,6*	13,0*	-0,4
29	BRS 208 x Abalone	0,0	0,1	-0,2	19,3*	10,6	7,3	27,4*	4,2	18,2	0,8	0,3	0,5	43,6*	36,9*	4,7
30	BRS 208 x BRS Figueira	-4,6*	-4,2	-0,3	-12,4*	-18,4*	6,8	-2,0*	-6,5	4,6	0,3	-0,7**	1,0	5,9	-6,2*	11,4
31	CD 115 x BRS Louro	2,6	4,3	-1,6	8,2	2,3	5,4	-5,3*	-6,3	1,1	1,5	0,0	1,5	29,2**	25,5*	2,9
32	CD 115 x BRS Timbaúva	0,9**	-1,2	2,1	14,8*	8,6	5,4	7,3*	-0,1	6,8	-0,1	-0,5*	0,4	10,9*	8,0*	2,6
33	CD 115 x Pampeano	-10,4*	-2,5	-8,9	2,0	8,3	-6,2	-6,3*	-20,3*	15,0	-1,0	-2,0*	1,0	1,2	-0,6	1,8
34	CD 115 x Abalone	5,0*	1,9	2,9	8,5*	6,0	2,3	29,3*	13,2	12,5	0,1	0,5*	-0,4	40,4*	37,7*	1,9
35	CD 115 x BRS Figueira	-0,5	2,4	-3,0	-32,3*	-10,5*	-32,2	9,4*	8,2	1,1	-0,8	-0,4	-0,5	3,2	0,5	2,5
36	BRS Louro x BRS Timbaúva	2,2	0,9	1,3	4,0	2,3	1,7	-6,3*	13,0*	-20,6	0,4	-0,7*	1,1	2,7	-0,2	2,9
37	BRS Louro x Pampeano	-0,8	6,8*	-7,6	-5,6	21,9*	-29,1	0,8	-5,5	6,2	-0,8	-2,0*	1,2	-2,7	-5,3*	2,7
38	BRS Louro x Abalone	5,3*	3,4	1,7	4,4	7,0	-2,4	16,7*	16,3*	0,3	1,9	1,9*	0,0	38,1*	26,8*	8,2
39	BRS Louro x BRS Figueira	3,6	2,1	1,4	-8,9*	2,2	-12,1	14,8*	-2,0	14,7	0,3	0,2	0,1	5,1	0,6	4,2
40	BRS Timbaúva x Pampeano	-0,1	-5,2*	5,1	11,4*	9,9	1,3	1,0	-10,9*	11,8	-1,6	-3,0	1,5	20,2*	3,2*	14,2
41	BRS Timbaúva x Abalone	1,3	1,5	-0,2	9,8*	29,4*	-17,8	7,2*	1,7	5,2	0,7	-0,3	1,0	42,3*	37,5*	3,3
42	BRS Timbaúva x BRS Figueira	1,8	-6,1*	7,8	-3,7	-7,2	3,6	37,6*	21,5*	11,7	-1,0	-1,8*	0,8	49,8*	34,1*	10,5
43	Pampeano x Abalone	0,4	2,0	-1,6	9,0*	6,8	2,0	-3,6*	-2,8	-0,9	-0,5	-1,0*	0,5	4,8	-2,5*	6,9
44	Pampeano x BRS Figueira	-0,6	-2,9	2,3	-12,1*	-13,4*	1,5	1,9*	-1,9	3,7	-2,2	-3,1**	0,9	-0,9	-32,2*	31,6
45	Abalone x BRS Figueira	-3,1	-6,2*	3,2	-6,9*	-19,0*	13,0	19,2*	33,7*	-12,2	0,1	-0,1	0,2	19,3**	15,4*	3,3
	Médias	1,2	1,0	0,1	1,8	3,3	-2,4	5,7	2,4	2,9	1,1	-0,4	1,5	20,4	10	8,2

¹Significativamente superior (valores positivos) ou inferior (valores negativos) em relação a média dos genitores do cruzamento pelo teste t. EP – Estatura de planta, NE P⁻¹ - Número de espigas por planta, NG E⁻¹ - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos, PG P⁻¹ – produção de grãos por planta.

As estimativas de heterose e da depressão por endogamia nas gerações F_1 e F_2 (Tabela 03) fornecem informações úteis acerca da capacidade combinatória dos pais, levantando informações relevantes aos programas de melhoramento (BORGHI et al., 1988; MENON & SHARMA, 1995; JOSHI, 2003). Neste contexto, a maior heterose média foi observada para o caráter PG P^{-1} , com valores de 20,4 e 10,5% para as gerações F_1 e F_2 , respectivamente. Ainda, considerando-se a médias de todos os cruzamentos, a PG P^{-1} também apresentou os maiores valores médios de depressão endogâmica nas gerações (8,2%). Avaliando um dialelo com quatro genitores Akbar (2007) encontrou resultados de heterose para rendimento de grãos na geração F_1 que variaram entre -55,2 e 32,8%. Resultados que apresentam uma amplitude de variação bem superior aqueles observados neste estudo (8,7 a 51,5), além deste não apresentar resultados negativos significativos para heterose nesta geração, resultados semelhantes foram obtidos por Arzani (2008).

Apenas o caráter NE P^{-1} não apresentou depressão por endogamia, na média de todas as combinações. Esta observação confirma a hipótese de que para a maximização da expressão do vigor deve-se conciliar alto número de locos em heterozigose no F_1 a uma elevada capacidade de combinação entre os genitores. Desta forma, o incremento da média no F_2 indica a possível recombinação de locos distintos no F_1 , visto que na média os genitores são praticamente similares para o caráter, entretanto, o vigor não foi expressivo devido à reduzida capacidade de combinação existente (BERTAN et al., 2009).

O conhecimento de cruzamentos específicos com heterose positiva e elevada pode determinar as combinações híbridas mais adequadas para serem utilizadas como fonte de variação potenciais nos processos de seleção, assim através deste estudo podemos recomendar, para a característica PG P^{-1} , os cruzamentos 3, 14, 42, 29, 41, 34, 18, 31, 21 e 27. Estas combinações híbridas apresentaram elevada heterose para o caráter nas duas gerações avaliadas e também sofreram baixa depressão endogâmica, ou seja, maior participação de efeitos gênicos aditivos em relação aos não aditivos. A maior heterose relativa para este caráter foi observada na combinação 3 nas duas gerações avaliadas ($F_1= 51,5\%$; $F_2= 44,2\%$), em contrapartida a menor foi demonstrada pelos cruzamentos 17 (-9,2%) em F_1 e pelo cruzamento 44 em F_2 (-32,2%). Zehr et al. (1997), encontraram valores na geração F_1 próximos a 41%, Joshi et al. (2003) observou

variações entre -22,50% e 62,16%, também trabalhando com esta cultura Akba et al. (2007) relataram variações na ordem de -55,2% a 32,8%, valores não tão expressivos quanto aos anteriores (-4,63% a 18,66%) foram relatados por Abdel-Moneam (2009) que também avaliou apenas a geração F_1 .

Os três principais componentes do rendimento em trigo (MCG, $NG E^{-1}$ e $NE P^{-1}$), responsáveis por incrementar a produtividade de grãos apresentaram valores variáveis em relação a heterose e a perda de vigor (Tabela 08). No caráter MCG as estimativas de heterose variaram de -2,2 a 5,0%, na geração F_1 , e -14,5 a 2,9% em F_2 . Para $NG E^{-1}$ os percentuais de heterose variaram entre -33,8 e 37,6%, para geração F_1 , e entre -41,2 e 69,2% na geração F_2 . Entre as três características em questão, este foi o caráter que apresentou a maior depressão endogâmica (21,6%), observada no cruzamento 24. Em contrapartida, $NE P^{-1}$ foi o caráter que apresentou a menor depressão endogâmica (-32,2%), na combinação 35, indicando estar sob forte influência dos efeitos gênicos aditivos. Contudo, existem combinações heteróticas específicas, em ambas as características citadas anteriormente, que possibilitam a seleção de plantas transgressivas com possibilidade de seleção de indivíduos superiores para cada caráter. Destacam-se entre as principais as combinações 5 e 14 para $NG E^{-1}$ e 3 e 10 para $NE P^{-1}$.

Avaliando os caracteres EP, MCG, $NG E^{-1}$, $NE P^{-1}$ e $PG P^{-1}$ Qixin et al. (2008) concluíram que estes não se encontram em uma mesma região cromossômica, o que implica que heterose e o desempenho de cada característica podem ser controladas por diferentes conjuntos de locos, e desta forma os ganhos de seleção para cada característica podem ser maximizados. Estes autores também observaram que este efeito também é válido para características controladas por poucos genes como é o caso da EP. No presente estudo esta característica apresentou variações na heterose entre 10,4 e 12,8% na geração F_1 e de -8,1 a 37,6% na geração F_2 .

Tabela 09. Heterobeltiose nas gerações F₁ e F₂, em porcentagem, de quarenta e cinco cruzamentos de trigo para cinco caracteres agrônômicos. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Cruzamentos	EP		NE P ⁻¹		NG E ⁻¹		MCG		PG P ⁻¹	
	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
1 BRS Guamirim x UTF 0605	-19,8*	-15,8*	-5,8	-12,3	-26,8*	-21,1*	0,5	-0,1*	20,3*	2,1*
2 BRS Guamirim x FUNDACEP 50	-6,0*	-3,9*	-1,7	2,8	9,5*	0,4	-1,0	-2,6*	7,1*	0,0*
3 BRS Guamirim x BRS 208	-8,0*	-5,7*	5,1	-13,8	21,1*	14,8*	-3,5	-5,3*	36,8*	30,2*
4 BRS Guamirim x CD 115	-2,0	-7,1	18,0*	13,7*	-0,2	-8,7	-0,5	-2,7*	25,3*	-0,1*
5 BRS Guamirim x BRS Louro	0,6	-2,5	3,3	11,9	-1,9*	-9,9	-0,3	-3,3	-12,2*	-14,5*
6 BRS Guamirim x BRS Timbaúva	-11,6*	-11,0*	-3,9	-4,7	-12,6*	-0,8*	0,7	-1,0*	-9,9*	-11,2*
7 BRS Guamirim x Pampeano	-14,8*	-14,7*	0,8	-7,8	-27,2*	-28,1*	-1,4	-2,9*	-0,7	-6,1
8 BRS Guamirim x Abalone	-3,1	-4,3	12,3*	8,3*	-8,5*	-10,6	0,5	-0,9*	16,8*	10,9*
9 BRS Guamirim x BRS Figueira	8,7*	14,3*	-41,6*	-29,5*	13,9*	43,4	0,3	-0,7	8,3	-0,3*
10 UTF 0605 x FUNDACEP 50	-15,9*	-22,7*	-1,6	6,7	11,4*	-0,6	-1,0	-2,9*	13,3*	-7,2*
11 UTF 0605 x BRS 208	-14,0*	-24,2*	-9,2	-13,0	24,3*	25,0*	-0,8	-2,5*	15,3*	6,9*
12 UTF 0605 x CD 115	-23,9*	5,8*	-11,5*	-7,1	-13,4*	-19,7*	-1,7	-3,4*	-19,6*	-29,1*
13 UTF 0605 x BRS Louro	-22,0*	-19,6*	-0,5	10,9*	-15,7*	-15,4*	-1,5	-2,4*	0,4	-11,1
14 UTF 0605 x BRS Timbaúva	-22,8*	-26,7*	9,5*	9,1	-6,5*	19,0	-1,3	-2,0*	21,4*	14,4*
15 UTF 0605 x Pampeano	-27,9*	-32,2*	-6,5	-4,3	-47,6*	-53,4*	-3,8	-17,4*	-28,7*	-35,3*
16 UTF 0605 x Abalone	-20,0*	-26,9*	-15,3*	-8,6*	-14,5*	6,5*	-1,5	-2,5*	0,5	-5,5
17 UTF 0605 x BRS Figueira	-22,7*	-16,9*	-44,6*	-34,5*	-20,1*	-13,1*	-0,1	-0,7	-17,1*	-22,6*
18 FUNDACEP 50 x BRS 208	-6,1*	-1,9*	-2,2	0,3	3,3*	3,3	2,8	-0,1*	25,9*	14,7*
19 FUNDACEP 50 x CD 115	-2,2	-5,2	17,4*	1,3*	-5,1*	-6,8	3,1	0,0*	11,8*	-4,5*
20 FUNDACEP 50 x BRS Louro	-7,7*	-7,4*	12,6*	4,3*	-3,9*	-21,9	0,7	-0,5*	13,1*	-15,7*
21 FUNDACEP 50 x BRS Timbaúva	-2,0	0,4	-6,4	19,8	0,9	6,7	0,0	-0,6	14,7*	12,5*
22 FUNDACEP 50 x Pampeano	-1,3	-4,0	-10,6*	0,6	-17,5*	-39,7*	-0,3	-0,8	3,0	-2,3*
23 FUNDACEP 50 x Abalone	-6,8*	-11,2*	4,5	6,1	-3,1*	-5,5	0,5	-5,0*	6,3	-0,7*
24 FUNDACEP 50 x BRS Figueira	-7,1*	-10,3*	-31,0*	-27,4*	-19,2*	-36,6*	-4,8	-4,9*	-10,7*	-22,3*
25 BRS 208 x CD 115	2,1	-3,1	9,0*	4,7	-20,6*	-19,0*	-0,6	-2,5*	4,9	-14,7*
26 BRS 208 x BRS Louro	-0,9	0,7	3,6	2,1	-19,6*	-19,1*	-1,3	-2,5*	14,1*	8,1*
27 BRS 208 x BRS Timbaúva	-2,6	-9,0	6,5	7,6	-2,9*	-1,4	-3,8	-4,7*	23,9*	13,5*
28 BRS 208 x Pampeano	-9,8*	-9,1*	10,5*	3,6	-11,4*	-21,4*	-2,8	-3,2*	-4,0	-3,6*
29 BRS 208 x Abalone	-4,1	-3,9	17,7*	9,2*	25,4*	2,5*	-1,3	-1,8*	40,0*	33,5*
30 BRS 208 x BRS Figueira	-8,8*	-8,5*	-27,5*	-32,4*	-21,2*	-24,8*	-5,6	-6,6*	-4,9	-15,8*
31 CD 115 x BRS Louro	-1,1	0,5	6,2	0,4	-10,2*	-11,2	0,6	-0,9*	26,3*	22,6*
32 CD 115 x BRS Timbaúva	-2,1	-4,1	10,5*	4,5	2,0*	-5,0	-2,3	-2,7*	10,1*	7,1*
33 CD 115 x Pampeano	-16,*2	-8,8*	-2,8	3,3	-22,7*	-34,3*	-1,9	-2,9*	-12,3*	-13,9*
34 CD 115 x Abalone	0,4	-2,5	7,5	5,1	25,2*	9,6*	-1,1	-0,6*	34,4*	31,8*
35 CD 115 x BRS Figueira	-5,2*	-2,4	-43,8	-25,7*	-13,1*	-14,1	-5,9	-5,5*	-9,0*	-11,3*
36 BRS Louro x BRS Timbaúva	-4,3*	-5,5	2,0	0,3	-6,5*	12,8	-1,8	-2,9*	-0,4	-3,3
37 BRS Louro x Pampeano	-10,3*	-3,4*	-8,3	18,4	-13,0*	-18,5*	-1,7	-2,9*	-13,9*	-16,2*
38 BRS Louro x Abalone	4,4*	2,6	1,6	4,0	7,4*	7,1	0,8	0,8*	29,3*	18,7*
39 BRS Louro x BRS Figueira	2,4	0,9	-25,5	-16,5*	-12,3*	-25,2	-4,8	-4,9*	-9,1*	-13,0*
40 BRS Timbaúva x Pampeano	-3,7*	-8,6	10,3	8,8	-13,0*	-23,3*	-2,8	-4,2*	3,5	-11,2*
41 BRS Timbaúva x Abalone	-5,9*	-5,7*	4,8	23,4	-1,2	-6,3	-0,4	-1,4*	37,2*	32,7*
42 BRS Timbaúva x BRS Figueira	-5,8*	-13,1*	-22,4	-25,2*	5,2*	-7,1	-4,0	-4,8*	33,2*	19,2*
43 Pampeano x Abalone	-9,9*	-8,4*	3,0	0,9	-22,5*	-21,8*	-1,7	-2,3*	-12,5*	-18,6*
44 Pampeano x BRS Figueira	11,7*	9,1*	-29,7	-30,8*	-29,6*	-32,2*	-7,3	-8,2*	-22,6*	-47,1*
45 Abalone x BRS Figueira	-3,5	-6,5	-20,4	-30,7*	-3,0*	8,8	-5,3	-5,5*	9,5*	6,0*
Média Geral	-7,4	-7,6	-4,4	-2,9	-7,0	-9,3	-1,6	-3,0	7,1	-1,6

* Significativamente superior (valores positivos) ou inferior (valores negativos) em relação a média dos genitores do cruzamento pelo teste t a 5% de probabilidade de erro. EP – Estatura de planta, NE P⁻¹ - Número de espigas por planta, NG E⁻¹ - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos, PG P⁻¹ – produção de grãos por planta

A maior heterobeltiose (média em relação ao genitor superior) para o caráter PG P^{-1} foi observada no cruzamento 29, tanto em F_1 (40%) quanto em F_2 (33,5%) (Tabela 09). Este resultado pode ser atribuído em grande parte a contribuição dos caracteres NE P^{-1} e NG E^{-1} , em F_1 , e NG E^{-1} , em F_2 , que apresentaram correlação positiva com o caráter rendimento de grãos, estes dados podem ser observados na Tabela 10. Os resultados concordam com os obtidos por Bertan (2009) que também encontrou correlação positiva entre PG P^{-1} e NE P^{-1} , em F_1 (0,66) e F_2 (0,61). A menor heterobeltiose foi observada no cruzamento 15 (-28,7%) na geração F_1 , já na geração F_2 esta foi atribuída ao cruzamento 44 (-47,1%). A combinação 15 também se destaca por apresentar os melhores índices de heterobeltiose para EP. As menores heterobeltioses para EP, tanto em F_1 quanto em F_2 , estão relacionadas às combinações envolvendo o genótipo UTF 0605, ou seja, seleções envolvendo este material são as mais indicadas quando se busca a redução da estatura em trigo. Quando esta característica é relacionada à depressão por endogamia entre os híbridos e as gerações segregantes, nota-se que sua correlação é negativa (-0,82) o que indica que quanto maior a heterose para este caráter menor a depressão por endogamia, o que eleva as chances de seleção desta característica nas gerações subseqüentes. (Tabela 10). O NE P^{-1} apresentou valores de heterobeltiose que variaram entre -44,6 e 18%, para F_1 , e entre -34,5 e 23,4% para F_2 , estes dados discordam daqueles obtidos por Farooq & Shalig (2004) que apenas encontraram heterobeltiose negativa para esta mesma característica. Desta forma podemos inferir que os valores de heterobeltiose são muito relativos aos conjuntos gênicos utilizados no estudo.

Tabela 10. Correlações entre a heterose de cinco caracteres nas gerações F₁ e F₂ com as médias de F₁ e médias de F₂, Heterobeltiose F₁, Heterobeltiose F₂ e Depressão endogâmica. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Correlações	Heterose % F ₁					Heterose % F ₂					
	EP	NE P ⁻¹	NG E ⁻¹	MCG	PG P ⁻¹	EP	NE P ⁻¹	NG E ⁻¹	MCG	PG P ⁻¹	
Médias F ₁	EP	0,16	0,01	0,20	0,28	0,17	-0,15	-0,31	-0,09	0,06	-0,19
	NE P ⁻¹	0,24	0,60*	0,42*	0,52*	0,61*	0,23	0,14	0,42*	0,40	0,47*
	NG E ⁻¹	0,30	0,34	0,48*	0,12	0,26	-0,03	0,00	0,10	-0,12	-0,07
	MCG	-0,11	0,10	-0,07	0,63*	0,14	0,02	0,18	0,09	0,33	0,12
	PG P ⁻¹	0,02	0,42*	0,30	0,32	0,64*	0,03	0,28	0,33	0,28	0,57*
Médias F ₂	EP	-0,03	0,31	0,31	0,28	0,10	0,32	0,08	-0,01	0,14	-0,16
	NE P ⁻¹	0,10	0,05	0,27	0,41*	0,53*	0,19	0,47	0,31	0,34	0,47
	NG E ⁻¹	0,16	0,32	0,41*	0,31	0,28	-0,10	0,05	0,58*	0,07	0,01
	MCG	-0,15	0,12	0,03	0,51*	0,07	0,06	0,28	0,18	0,71*	0,11
	PG P ⁻¹	-0,17	0,12	0,30	0,35	0,58*	-0,11	0,10	0,41	0,34	0,69*
Heterobeltiose F ₁	EP	0,32	0,01	0,12	0,24	0,33	-0,05	-0,17	0,06	0,22	-0,09
	NE P ⁻¹	0,01	0,96*	-0,01	0,41*	0,47*	-0,04	0,62*	0,02	0,41	0,24
	NG E ⁻¹	0,48**	-0,07	0,27	-0,06	0,50*	0,28	-0,22	0,31	0,05	0,38
	MCG	-0,08	0,18	0,16	0,68*	0,24	0,22	-0,01	0,20	0,36	0,37
	PG P ⁻¹	0,03	0,43*	0,31	0,26	0,89*	0,00	0,41	0,36	0,26	0,85*
Heterobeltiose F ₂	EP	0,10	0,16	0,17	0,24	0,25	0,49**	0,04	0,08	0,30	-0,07
	NE P ⁻¹	-0,15	0,74*	-0,07	0,24	0,38	-0,07	0,91*	-0,03	0,29	0,25
	NG E ⁻¹	0,32	-0,12	0,25	0,22	0,49*	0,18	-0,24	0,47*	0,28	0,42*
	MCG	-0,11	0,20	0,19	0,44*	0,15	0,25	0,03	0,23	0,83*	0,33
	PG P ⁻¹	-0,19	0,29	0,29	0,30	0,78*	-0,16	0,33	0,36	0,33	0,91*
Depressão endogâmica	EP	0,31	-0,24	-0,13	-0,05	0,13	-0,82*	-0,37	-0,08	-0,16	-0,02
	NE P ⁻¹	0,22	0,55*	0,22	0,09	0,08	0,06	-0,26	0,16	0,03	-0,11
	NG E ⁻¹	0,22	0,04	0,10	-0,38	-0,10	0,16	-0,06	-0,61**	-0,33	-0,22
	MCG	0,06	0,00	-0,12	0,09	0,11	-0,07	-0,08	-0,15	-0,77**	-0,02
	PG P ⁻¹	0,34	0,33	0,00	-0,14	0,05	0,26	0,20	-0,10	-0,18	-0,40

** e * são significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste T para GL – 2.

3.4 CONCLUSÕES

Os híbridos que apresentam o melhor rendimento em ambas as gerações resultaram da combinação dos melhores genitores, ou então, onde pelo menos um parental esteve envolvido.

Existem combinações específicas transgressivas com alto grau de heterose para as diferentes características avaliadas neste estudo. As quais conciliadas a um baixo índice de depressão endogâmica apresentam-se como potenciais fontes de recuperação de indivíduos superiores.

Os híbridos BRS Guamirim x BRS 208, UTF 0605 x BRS Timbaúva, BRS Timbaúva x BRS Figueira, BRS 208 x Abalone, BRS Timbaúva x Abalone, CD 115 x Abalone, FUNDACEP 50 x BRS 208, CD 115 x BRS Louro, FUNDACEP 50 x BRS Timbaúva e BRS 208 x BRS Timbaúva são os mais recomendados quando se visa a $PG P^{-1}$, pois apresentaram bons percentuais de heterose conciliados a uma baixa depressão endogâmica.

3.5 REFERÊNCIAS

ABDEL-MONEAM M.A. Heterosis in some crosses of bread wheat under irrigation and drought conditions. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 2009.

ARZANI A. & FARAHANI F. Assessment of Heterosis in Durum Wheat F1 Hybrids under Field Conditions. *J. Sci. & Technol. Agriculture and Natural Resources*, Vol. 11, No. 42 (A), Winter, Isf. Univ. Technol., Isf., Iran, 2008.

AKBAR M., KHAN M.A., REHMAN A., AHMAD N. Heterosis and heterobeltiosis for improvement of wheat grain yield. *Journal Agriculture Research*, 2007.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A. AND VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.44, n.2, p.155-163, 2009

BORÉM & MIRANDA. *Melhoramento de plantas*. 2 ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, cap. 8, p. 135-155, 2005.

BORGHI, B., PERENZIN M., NASH R.J. Agronomic and qualitative characteristics of ten bread wheat hybrids produced by a chemical hybridizing agent. *Euphytica*, Dordrech, 39:185-194. 1988.

BRIGGLE, L. W. Heterosis in wheat. *Crop Science*. 3: 407-412. 1963.

COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. *Recomendações da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo*. Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 2005.

FAROOQ, J.; KHALIQ, I. Estimation of heterosis and heterobeltiosis of some quantitative characters in bread wheat crosses. *Asian Journal of Plant Science*, v.3, p.508-511, 2004.

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

HUSSAIN F., HUSSAIN M., IQBAL M.M., AKHTAR M.A., ZULKIFFAL M., RIAZ-UD-DIN H. Heterosis studies in wheat crosses. *Journal Agriculture Research*, 2007, 45(4), 2007.

JOSHI S. K, SHARMA S. N., SINGHANIA D. L., SAIN R. S. Hybrid vigor over environments in a ten-parent diallel cross in common wheat. *Journal of Breeding and Genetics*, 35 (2) 81-91, 2003.

KHAN, N.U., H. GUL, M.S. SWATI, M.A. KHAN. Estimation of heterotic response for yield and yield components in a 5 x 5 diallel cross of spring wheat. *Sarhad Journal Agriculture*, 11:477-484,1995.

KRISHNA, R. AHMAD Z. Heterosis for yield components and developmental traits in spring wheat. *Gentika (Beograd)* 24 (2): 127-132. 1992.

LARIK, A.S., A.R. MAHAR and HAFIZ H.M.I. Heterosis and combining ability estimates in diallel crosses of six cultivars of spring wheat. *Wheat Information Service*. 80:12-19. 1995.

MEHLA, B.S., S.C. SHARMA AND J. S. HOODA. Gene action for certain quantitative traits in wheat. *Annals of Biology (Ludhiana)*. 16(1): 95-100 [Pl. Br. Absts. 70(8): 8430; 2000]. 2000.

MENON, U., S.N. SHARMA. Inheritance studies for yield and yield component traits in bread wheat over the environment. *Wheat Information Service*. 80:1-5. 1995.

NAZEER A.W., HASSAN M.S., AKRAM Z. Genetic architecture of some agronomic traits in diallel cross of bread wheat. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 2004.

QIXIN, S., ZHONGFU N., HUIRU P., YINGYIN Y., JINKUN D., GANG L. Towards the understanding of genetic and molecular basis of heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.) Department of Plant Genetics and Breeding, China Agricultural University, Beijing, 100094, China, 2008. Disponível em <http://ses.library.usyd.edu.au/bitstream/2123/3423/1/P301.pdf>.

SHARMA, S. K., R. K. SINGH, SINGH, M. Components of heterosis for harvest index, biological yield, and grain yield in wheat. *Indian Journal Agriculture Science*. 4(2): 75-78. 1984.

SINDHU, J.S., R.B. SINGH. Heterosis in wheat. *Indian Journal of Genetics*. 35: 467-469. 1975.

SILVA, J. A. G. et al. Distância morfológica entre genótipos de trigo com ausência e presença do caráter "stay-green". *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.5, p.1261-1267, 2007.

ZEHR, B.E., V.P., RATRALIKAR, L. M.M. REDDY, AND L.V. PANDEY. In: Strategies for utilizing heterosis in wheat, rice, and oilseed Brassica in India. (Abstract B 28). In: *Proceedings Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, Mexico City, Mexico. pp. 232-233. 1997

4 CAPÍTULO III - PREVISÃO DO DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE TRIGO POR MEDIDAS DE DISTÂNCIA GENÉTICA

4.1 INTRODUÇÃO

A escolha dos genitores é o principal passo para o desenvolvimento de novas cultivares. Neste processo, a obtenção de constituições genéticas superiores está condicionada na presença de variabilidade genética na população alvo de seleção, sendo que esta deve apresentar, além de classes diferenciadas, elevado potencial para os caracteres que estejam sendo melhorados.

Os estudos de distância genética, onde diversos caracteres são dimensionados simultaneamente nos genótipos, são de grande importância em programas de melhoramento, pois possibilitam a identificação da variabilidade genética e seleção de genitores que, quando hibridados, maximizam as chances de obter efeito heterótico na progênie, determinando maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes (MOURA et al., 1999; BERTAN et al., 2007). Neste sentido, quanto maior a distância genética, maior a proporção de locos segregando nas gerações de autofecundação (VIEIRA et al., 2005; LORENCETTI et al., 2006). Entretanto, a real utilidade de diferentes medidas de distâncias têm revelado resultados contraditórios, tanto entre quanto dentro de uma mesma espécie (DIAS et al., 2003; DIAS et al., 2004). Dentre as metodologias para a quantificação da distância genética, se destacam a utilização de caracteres morfológicos, dados moleculares e coeficiente de parentesco, através da utilização de dados de genealogia.

Os marcadores moleculares possibilitam a obtenção de informações genéticas contidas no genoma de um organismo e não são influenciados pela interação genótipo x ambiente, como ocorre com os marcadores morfológicos (MÁRIC et al., 2004; VIEIRA et al., 2007). Além disso, a técnica de marcadores AFLP se destaca pelo número de marcadores analisados em um único gel (capacidade multiplex), grande poder de detecção de variabilidade genética e maior robustez do ensaio (VOS et al., 1995), entretanto, apresenta a especificidade de acessar o genoma como um todo, não somente as regiões responsáveis pela manifestação dos caracteres de interesse. Desta forma, a utilização conjunta de

marcadores moleculares e morfológicos (GOWER, 1971), pode ser uma estratégia mais representativa para a detecção de diferenças genéticas entre genitores, pois possibilita uma melhor amostragem do genoma.

A distância estimada por meio de dados genealógicos, também denominada de coeficiente de parentesco, é a probabilidade de que um alelo qualquer de um indivíduo seja idêntico, por descendência, àquele alelo correspondente de outro indivíduo (SMITH, 1999). Esta técnica talvez seja a alternativa mais fácil e barata para estimar a dissimilaridade genética (VIEIRA et al., 2005). No entanto, o grande entrave para a utilização dessa técnica, em grande escala, é o escasso conhecimento existente a respeito da genealogia das constituições genéticas.

Em trigo e outros cereais, ainda não há consenso quanto a real utilidade destas estimativas na predição do desempenho de combinações híbridas e/ou variabilidade nas gerações segregantes (COX & MURPHY, 1990; SOUZA & SORRELLS, 1991; DREISIGACKER et al., 2005; BERTAN et al., 2009). Em trigo, Bertan et al. (2009), observaram que as medidas de distância estimadas através de caracteres morfológicos, marcadores moleculares AFLP, simultânea (morfológicos + AFLP) e dados genealógicos, apresentaram baixa a moderada associação com a capacidade específica de combinação de híbridos F_1 conduzidos em planta espaçada e de populações F_2 conduzidas em planta espaçada e linha cheia. Da mesma forma, Krystkowiak et al. (2009), avaliando 72 híbridos F_2 de trigo, resultante do cruzamento entre 18 genitores, observaram que a associação entre a distância morfológica com heterose e capacidade específica de combinação, para caracteres agrônômicos, foram de reduzida magnitude ou não significativa, entretanto, concluíram que o desempenho dos híbridos para conteúdo de proteínas e propriedades reológicas, pode ser previsto através da distancia molecular, estimada através de marcadores RAPD.

Desta forma, os objetivos do presente estudo foram: i) estimar a distância genética entre dez genótipos de trigo por meio de quatro metodologias (dados morfológicos, genealógicos, marcadores moleculares AFLP e análise simultânea de dados morfológicos e marcadores AFLP); ii) calcular a correlação entre as quatro medidas de distância genética e entre as matrizes destas distâncias com as capacidade específica de combinação (CEC) para cinco caracteres de importância agrônômica em trigo; iii) indicar medidas de distância genética que

possam ser empregadas com êxito na escolha de genitores para compor blocos de cruzamentos em trigo.

4.2 MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento de campo foi conduzido na Estação Experimental do Curso de Agronomia da UTFPR, em Pato Branco-PR (26010' S; 52041'W e 743 m). Esta apresenta solo pertencente a unidade de mapeamento LATOSSOLO VERMELHO Distroférrico úmbrico, textura argilosa, álico, fase floresta subtropical perenifólia, relevo ondulado (BHERING et al., 2008).

Na safra agrícola de 2006, dez genótipos de trigo BRS Figueira, BRS Louro, BRS Guamirim, BRS Timbaúva, BRS 208, Pampeano, CD 115, FUNDACEP 50, Abalone e UTF 0605, escolhidos com base no rendimento de grãos e caracteres agrônômicos de interesse, foram cruzados em forma de dialelo completo, sem os recíprocos, totalizando 45 combinações híbridas. No mesmo ano, uma amostra das sementes F_1 de cada cruzamento foi semeada em casa de vegetação visando o avanço para a geração F_2 . As sementes remanescentes foram mantidas em condições controladas.

Na safra agrícola de 2007, os híbridos F_1 , as populações F_2 e os genitores foram conduzidos em delineamento completamente casualizados com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas por 20 plantas para os híbridos F_1 , 40 plantas para os pais e 40 para as populações F_2 , espaçadas em 30 cm entre plantas e entre linhas. A adubação de base foi de 250 kg ha^{-1} de NPK (8-20-20) e mais 50 kg ha^{-1} de nitrogênio aplicado no início do afilhamento. Também foi efetuado controle de moléstias de parte aérea, com duas aplicações de fungicida Tebuconazole, na dose de 0,75 L ha^{-1} , sendo a primeira aplicação no surgimento das pústulas da ferrugem da folha (*Puccinia triticina*) e a segunda no ressurgimento das mesmas. Os demais tratos culturais foram de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do trigo (COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 2006).

Foram avaliados os seguintes caracteres morfológicos: estatura de planta (EP), pelo comprimento do colmo, em centímetros, desde a superfície do solo

até o ápice da inflorescência, excluindo as aristas, número de espigas ($NE.P^{-1}$), contando individualmente as espigas de cada planta, número de grãos por espiga ($NG.E^{-1}$), contando o número total de grãos de cada planta e dividido pelo número de espigas, massa de 100 grãos (MCG), em gramas, rendimento de grãos por planta ($RG.P^{-1}$), obtido pela pesagem da produção de grãos das plantas trilhadas individualmente, em gramas.

Os dados morfológicos foram submetidos a análise de variância individual e geral com as gerações avaliadas, considerando os efeitos de genótipos e, as somas de quadrados dos tratamentos foram decompostas em capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e interações, por meio da análise de variância dialélica, empregado o Método 2, Modelo B de Griffing (1956), com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Com o mesmo programa foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os genitores.

As análises moleculares foram realizadas no centro de Genômica e Fitomelhoramento FAEM/UFPEL. Na obtenção dos marcadores AFLP foram empregadas cinco combinações de iniciadores (M-CAG / E-ACC, M-CTT / E-AGC, M-CAG / E-AGC, M-CTT / E-ACG, M-CTT / E-AGG, onde: E: EcoRI e M: MseI), sendo a análise realizada de acordo com o protocolo descrito por VOS et al. (1995). Para visualização dos fragmentos amplificados e separados eletroforéticamente em gel desnaturante de poliacrilamida (6%), foi utilizado o protocolo de coloração, a base de nitrato de prata, descrito por Creste et al. (2001).

Os dados de presença/ausência de bandas obtidos na análise de AFLP foram empregados na estimativa da similaridade genética entre os genitores por meio do complemento do coeficiente de similaridade de Dice (DICE, 1945), com o auxílio do programa NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000), conforme a equação: $S_{ij} = 2 N_{ij} / (N_i + N_j)$; onde: N_{ij} = número de bandas presentes em ambos os genótipos i e j; N_i = o número de bandas presentes no genótipo i, e N_j = o número de bandas presentes no genótipo j.

A análise da similaridade genética entre os genitores envolvendo caracteres morfológicos e marcadores AFLP, de maneira conjunta, foi estimada por meio do complemento do índice de similaridade de Gower (1971), através do programa Multiv v. 2.3 (PILLAR, 1997). O cálculo do coeficiente de parentesco foi realizado de acordo com sistema de cálculo de parentesco de Malécot (FERREIRA

& ZAMBALDE, 1997) utilizando as genealogias da Tabela 06, através do programa SAS (SAS LEARNING EDITION, 2002).

Tabela 11. Genitores de trigo utilizados no estudo, com as respectivas genealogias. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

GENITORES	GENEALOGIA *
ABALONE	ORL93299 ¹ /3/ORL92171 ² // EMB16 ³ /2/OR1 ⁴ /4/RUBI ⁵
^{1****} [ORL 93299 = PF869107 ⁶ /KLM3450C3131] ² ORL 92171 = PF86107 ¹⁰ S' BAGUALA'S ¹¹] ³ [EMB16 = HULHA NEGRA ¹² /CNT 7 ¹³ // AMIGO ¹⁴ /CNT 7] ⁴ [OR1 = EMBRAPA 27 ¹⁵ /BAGUALA'S ¹¹] ⁵ [RUBI = PF869107 ⁶ /KLEIN H3450C3131] ⁶ [F869107 = PF 83743 ⁷ // PF 83182 ⁸ /F/25716] ⁷ [PF 83743 = IAS 52/SOLO//JUP 73/3/CNT 10 ⁹ /4/PF 782021] ⁸ [PF 83182 = CNT 10 ⁹ /6//LV*5/CAU] ⁹ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66] ¹⁰ [PF86107 = ENC/PF 79768//PF 80284] ¹¹ [BAGUALA SIB = TEETER/JUNCO] ¹² [HULHA NEGRA = TOROPI ¹⁶ /MAGNIF MG// KLEIN IMPACTO] ¹³ [CNT 7 = IAS 51//IAS 20/ND 81] ¹⁴ [AMIGO = GAÚCHO//TCS/63 PC42-4/3/TEEWON/4/TEEWON SIB] ¹⁵ [EMBRAPA 27 = PF 83743 ⁷ //PF 83182 ⁸ /F 25716]	
PAMPEANO	ORL91274 ¹ /ORL93807 ² //ORL95711 ³
¹ [ORL 91274 = PF87512/BR15 ⁴] ² [ORL 93807 = CMH794.955/3/CNO79//BR35 ⁵ /3/OR16/PF869107 ⁶] ³ [ORL 95711 = BR35 ⁵ //BR14 ⁷ /2/SUMAI3/3/OR1 ⁸] ⁴ [BR 15 = IAS 54/2/TOKAI 80//PF 69193] ⁵ [BR 35 = IAC 5 ¹⁵ /3/CNT 7 ¹⁶ /3/LONDRINA ¹⁷ //IAC 5 ¹⁵ /HADDEN] ⁶ [F869107 = PF 83743 ¹² //PF 83182 ¹³ /F/25716] ⁷ [BR 14 = IAS 63/ ALONDRA SIB ⁹ //GTO/LV] ⁸ [OR1 = EMBRAPA 27 ¹⁰ /BAGUALA'S ¹¹] ⁹ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED MACE/3/CIANO/2/CHRIS] ¹⁰ [EMBRAPA 27 = PF 83743 ⁷ //PF 83182 ⁸ /F 25716] ¹¹ [BAGUALA SIB = TEETER/JUNCO] ¹² [PF 83743 = IAS 52/SOLO//JUP 73/3/CNT 10 ¹⁴ /4/PF 782021] ¹³ [PF 83182 = CNT 10 ¹⁴ /6//LV*5/CAU] ¹⁴ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66] ¹⁵ [IAC 5 = FRONTANA ¹⁸ /KENYA 58//PG 1 ¹⁹] ¹⁶ [CNT 7 = IAS 51//IAS 20/ND 81] ¹⁷ [LONDRINA = CRUZ ALTA/5/Y 53//N 10/BREVOR/3/Y 50/4/KT 54 B] ¹⁸ [FRONTANA = FRONTEIRA ²⁰ /MENTANA] ¹⁹ [PG 1 = SELECAO POLYSSU] ²⁰ [FRONTEIRA = POLYSÚ/ ALFREDO CHAVES 6.21]	
BRS TIMBAUVA	BR 32 ¹ / EMBRAPA 27 ²
¹ [BR 32 = IAS 60/INDUS//IAS 62/3/ALONDRA SIB ³ /4/IAS 59] ² [EMBRAPA 27 = PF 83743 ⁴ //PF 83182 ⁵ /F 25716] ³ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED MACE/3/CIANO/2/CHRIS] ⁴ [PF 83743 = IAS 52/SOLO//JUP 73/3/CNT 10 ⁶ /4/PF 782021] ⁵ [PF 83182 = CNT 10 ⁶ /6//LV*5/CAU] ⁶ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66]	
BRS GUAMIRIM	EMB 27 ¹ / BUCK NANDU// PF 93159 ²
¹ [EMBRAPA 27 = PF 83743 ³ //PF 83182 ⁴ /F 25716] ² [PF93159 = (BR 23 ⁵ //CEP 19 ⁶ /PF 85490 ⁷), ³ [PF 83743 = IAS 52/SOLO//JUP 73/3/CNT 10 ¹⁰ /4/PF 782021] ⁴ [PF 83182 = CNT 10 ¹⁰ /6//LV*5/CAU] ⁵ [BR 23 = CORRE CAMINOS/ALONDRA SIB ⁸ /3/IAS 54 ⁹ /COTIPORÃ ¹² /CNT 8 ¹¹] ⁶ [CEP 19 = PEL 72380 / ARTHUR 71 // CEP 75336 / 3 / ALONDRA "S" ⁴ / PF 72707 // PAT 19] ⁷ [PF 85490 = LD/6/KVZ//LD/6/AGENT/3/3/LD/6/KVZ//LD/6/WTP] ⁸ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED] ⁹ [IAS 54 = CRUZ ALTA/5/Y 53//N 10/BREVOR/3/Y 50/4/KT 54 B] ¹⁰ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66] ¹¹ [CNT 8 = IASSÚL/ ND 81] ¹² [COTIPORÃ = VERANOPOLIS /2/EGYPT NA 101]	
BRS FIGUEIRA	COOKER 762/2/CNT 8 ¹
¹ [CNT 8 = IASSÚL/ ND 81]	
BRS LOURO	PF 869114 ¹ /BR 23 ²
¹ [PF 869114 = CNT 10 ³ //LONDRINA ⁴ /3/NYU BAY] ² [BR 23 = CORRE CAMINOS/ALONDRA SIB ⁵ /3/IAS 54 ⁶ /COTIPORÃ ⁷ //CNT 8 ⁸] ³ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66] ⁴ [LONDRINA = CRUZ ALTA/5/Y 53//N 10/BREVOR/3/Y 50/4/KT 54 B] ⁵ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED] ⁶ [IAS 54 = CRUZ ALTA/5/Y 53//N 10/BREVOR/3/Y 50/4/KT 54 B] ⁷ [COTIPORÃ = VERANOPOLIS /2/EGYPT NA 101] ⁸ [CNT 8 = IASSÚL/ ND 81]	

Continuação da tabela 11.

CD 115	PF 89232 ¹ /OC 938
¹ [PF 89232 = CI 14119/2/PF 8237]	
FUNDACEP 51	CEP 88132 ¹ /PG 876//BR 34 ² /CRDN
¹ [CEP 88132 = IAC 5 ³ /BR 14 ⁴ //CHRA/QLP 10.077] ² [BR 34 = ALZ 110/2/IAS 54//F 5530] ³ [IAC 5 = FRONTANA ⁵ /KENYA 58//PG 1 ⁶] ⁴ [BR 14 = IAS 63/ALONDRA SIB ⁷ //GTO/LV] ⁵ [FRONTANA = FRONTEIRA ⁸ /MENTANA] ⁶ [PG 1 = SELECAO POLYSSU] ⁷ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED MACE/3/CIANO/2/CHRIS] ⁸ [FRONTEIRA = POLYSÚ/ ALFREDO CHAVES 6.21]	
BRS 208	CPAC 89118/3/BR 23 ¹ //CEP 19 ² /PF 85490 ³
¹ [BR 23 = CORRE CAMINOS/ALONDRA SIB ⁴ /3/IAS 54 ⁵ /COTIPORÃ ⁶ //CNT 8 ⁷] ² [CEP 19 = PEL 72380 / ARTHUR 71 // CEP 75336 / 3 / ALONDRA "S" ⁴ / PF 72707 // PAT 19] ³ [PF 85490 = LD/6/KVZ//LD/6/AGENT/3/3/LD/6/KVZ//LD/6/WTP] ⁴ [ALONDRA SIB = 4546 D 6301 /NAINARA WEIQUE RED] ⁵ [IAS 54 = CRUZ ALTA/5/Y 53//N 10/BREVOR/3/Y 50/4/KT 54 B] ⁶ [COTIPORÃ = VERANOPOLIS /2/EGYPT NA 101] ⁷ [CNT 8 = IASSÚ/ ND 81]	
UTF 0605	OR 1/ EMBRAPA 16
¹ [OR1 = EMBRAPA 27 ³ /BAGUALA'S ⁴] ² [EMB16 = HULHA NEGRA ⁹ /CNT 7 ¹⁰ //AMIGO ¹¹ /CNT 7] ³ [EMBRAPA 27 = PF 83743 ⁵ //PF 83182 ⁶ /F 25716] ⁴ [BAGUALA SIB = TEETER/JUNCO] ⁵ [PF 83743 = IAS 52/SOLO//JUP 73/3/CNT 10 ⁷ /4/PF 782021] ⁶ [PF 83182 = CNT 10 ⁷ /6//LV*5/CAU] ⁷ [CNT 10 = IAS 46/IAS 49//IAS 46/TOKAI 66] ⁸ [EMB16 = HULHA NEGRA ⁹ /CNT 7 ¹⁰ //AMIGO ¹¹ /CNT 7] ⁹ [HULHA NEGRA = TOROPI ¹² /MAGNIF MG// KLEIN IMPACTO] ¹⁰ [CNT 7 = IAS 51//IAS 20/ND 81] ¹¹ [AMIGO = GAÚCHO//TCS/63 PC42-4/3/TEEWON/4/TEEWON SIB] ¹² [TOROPI = PETIBLANCO 8//FRONTANA ¹³ /QUADERNA A] ¹³ [FRONTANA = FRONTEIRA ¹⁴ /MENTANA] ¹⁴ [FRONTEIRA = POLYSÚ/ ALFREDO CHAVES 6.21]	

* Simbologia semelhante à proposta por Purdy et al. (1968).

As matrizes de similaridade genéticas obtidas a partir de caracteres morfológicos, marcadores AFLP, da análise conjunta (morfológicos e marcadores) e do complemento do coeficiente de parentesco foram transformadas em dissimilaridade genética segundo a equação: $D_{ij} = 1 - S_{ij}$, em que: D_{ij} = dissimilaridade genética entre cada par de i e j genitores; S_{ij} = similaridade genética entre cada par de i e j genitores. Com base na matriz de dissimilaridade gerada foi construído um dendrograma pelo método de agrupamento da distância média (UPGMA) e estimado o coeficiente de correlação cofenética utilizando os mesmos programas citados anteriormente para os dados morfológicos.

Com base nas matrizes de dissimilaridade foram construídos quatro dendrogramas, utilizando o método de agrupamento da distância média (UPGMA). O coeficiente de correlação cofenética (r , porção da matriz de dissimilaridade explicada pelo dendrograma) foi estimado segundo Sokal & Rohlf (1962). Para a estimativa da correlação (associação) entre as matrizes de distância obtidas por meio da análise de dados morfológicos, genealógicos, marcadores moleculares AFLP e simultânea de dados morfológicos e marcadores AFLP, foi empregado o teste de comparação de matrizes de Mantel, com 1000 permutações (MANTEL, 1967). Todas essas análises foram efetuadas por meio do programa NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). Já a associação entre estas medidas de distância genética com a capacidade específica de combinação dos genitores envolvidos nos cruzamentos, para os diferentes caracteres, gerações e métodos de semeadura empregados no estudo, foi estimada pelo coeficiente de correlação simples de Pearson.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os resultados da análise da variância do modelo dialélico do fator tratamento das gerações fixas (F_1 e genitores) e da população F_2 , evidenciaram diferenças para todos os caracteres testados (Tabela 12). Isso confirma que os genitores escolhidos e suas respectivas combinações híbridas são contrastantes.

Quanto às gerações, estas não apresentaram diferenças significativas para nenhum dos caracteres avaliados, evidenciando que o reduzido grau de liberdade desta fonte de variação, por apenas duas gerações testadas, influência diretamente na ausência de diferenças para os demais caracteres, conforme

também observou Bertan et al. (2009). Porém, o efeito de geração apresentou interação com tratamento e com as capacidades geral (CGC) e específicas de combinação (CEC). Assim, as considerações a cerca das capacidades de combinação foram efetuadas, com base na análise individual de cada geração (F_1 e F_2), onde os tratamentos avaliados indicaram diferenças para todos os caracteres. Da mesma forma, os parâmetros da CGC e CEC também revelaram diferenças entre as populações (Tabela 12).

Deve-se observar que os valores dos quadrados médios para CGC e CEC na geração F_1 foram superiores quando comparados à geração F_2 para massa de cem grãos e produção de grãos por planta. Este fato pode ser atribuído a presença de maior vigor híbrido na geração F_1 em relação à geração F_2 , o que contribuiu para reduzir a média dos caracteres e a amplitude entre as classes. Da mesma forma, o efeito contraditório dos quadrados médios, para os demais caracteres, indica que a combinação e a recombinação dos genes distribuídos em ambos os genitores possui maior importância para a presença de variabilidade genética do que a simples interação entre alelos e/ou locos (dominância e/ou epistasia) nas populações F_1 . Estes resultados são semelhantes aos observados por Sharma & Sain (2004), em trigo, e por Sood et al. (2007) em linhaça. O desconhecimento destas inferências retarda o progresso no melhoramento genético de plantas, ocasionado por seleção ineficiente.

A magnitude dos quadrados médios da CGC foi superior, para todos os caracteres analisados, àquela apresentada pela CEC. Este fato está relacionado a uma grande contribuição da ação gênica aditiva no controle dos caracteres estudados (SINGH, 2004; JOSHI et al., 2004; KAMALUDDIN et al., 2007). Apesar desses resultados, também pode ser verificado efeitos de ações gênicas não aditivas em casos onde não se trabalha com constituições heterogêneas (SCHEEREN et al., 1995; CHOWDHRY et al., 2001), ou então a presença de ambos, aditivos e não aditivos (SHEIKH et al., 2000; YANG et al., 2002; TOPAL, 2004; HASNAIN, 2006).

Tabela 12. Quadrados médios da análise de variância dialélica das gerações F₁ e F₂ para cinco caracteres fenotípicos de trigo, analisados pelo modelo de análise dialélica proposto por Griffing (1956). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Fontes de Variação	G.L.	Caracteres/Quadrados médios (Análise conjunta F ₁ e F ₂)				
		EP	NE P ⁻¹	NG E ⁻¹	MCG	PG P ⁻¹
Tratamento	54	313,49*	5,60*	28,01*	2,19*	3,83*
CGC	9	1741,57*	16,66*	76,04	11,88	13,5
CEC	45	27,87	3,39*	18,41	0,26	1,89*
Geração	1	17	1,46	27103,6	51815,53	1646,23
Tratamento x Geração	54	18,12*	1,16*	19,81*	1,56*	1,89*
CGC x Geração	9	10,23*	0,98*	46,74*	8,4*	6,16*
CEC x Geração	45	19,70*	1,20*	14,43*	0,20*	1,04*
Resíduo	216	3,51	0,49*	0,15	0,0022	0,022
Análise individual da geração F ₁						
TRATAMENTO	54	162,52*	3,52*	0,56*	3,72*	5,52*
CGC	9	907,99*	8,28*	2,08*	20,13*	18,93*
CEC	45	13,42*	2,56*	0,25*	0,44*	2,84*
RESÍDUO	108	5,28	0,49	0,08	0,14	0,29
Análise individual da geração F ₂						
TRATAMENTO	54	169,10*	3,25*	47,27*	0,03*	0,19*
CGC	9	843,81*	9,37*	120,70*	0,15*	0,73*
CEC	45	34,15*	2,02*	32,51*	0,01*	0,09*
RESÍDUO	108	8,14	0,84	7,55	0,0008	0,01

* Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F, GL- graus de liberdade, CGC - capacidade geral de combinação, CEC – capacidade específica de combinação, EP- Estatura de planta, NE.P⁻¹ - Número de espigas por planta, NG.E⁻¹ - número de grãos por espiga, MCG - massa de cem grãos e PG.P⁻¹ – produção de grãos por planta.

As cinco combinações de iniciadores AFLP utilizadas na análise molecular geraram o total de 182 bandas polimórficas entre os dez genótipos utilizados no estudo. O emprego do primer M-CAG / E-ACC foi o que proporcionou o maior menor número de marcas gênicas (66). Também, o reduzido número de fragmentos monomórficos obtidos neste estudo expressa o grande potencial de detecção de variabilidade genética em trigo por meio de marcadores AFLP, como também já foi relatado por Corbellini et al. (2002).

O estudo da distância genética detectou a presença de variabilidade entre os dez genitores utilizados nos cruzamentos, tanto em relação aos caracteres morfológicos quanto na avaliação por meio de marcadores AFLP, análise simultânea de ambas as técnicas e dados genealógicos (Figura 01). Todos os dendrogramas revelaram um bom ajuste entre as representações gráficas das distâncias e a suas matrizes originais, onde os coeficientes de correlação cofenética foram de elevada magnitude para Dg-genealógica (0,98) e Dg-morfológica (0,89) e intermediária para Dg-

molecularAFLP (0,88), $Dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$ (0,61), resultados estes semelhantes aos obtidos por Benin et al. (2008), em aveia e Bertan et al. (2009) em trigo. Na literatura, coeficientes de correlação cofenética superiores a 0,70 são relatados como eficientes na representação gráfica dos contrastes entre os genótipos avaliados (VIEIRA et al., 2007). Segundo Sokal & Rohlf (1962), somente valores de correlação cofenética superiores a 0,80 indicam um bom ajuste entre as matrizes originais de distância e as distâncias gráficas. Segundo Viera et al. (2005) o ajuste entre as matrizes originais de distância e as distâncias gráficas depende da distribuição da variabilidade genética entre os genótipos testados. Existem casos em que a estrutura de agrupamento dos genótipos avaliados não atende a pressuposição hierárquica, por conseqüência, outra forma de representação deverá ser adotada (BUSSAB et al., 1990), mesmo que sejam os mais recomendados para aplicação em dados biológicos (EVERITT, 1993).

É oportuno destacar as associações verificadas entre as diferentes estimativas de distância testadas (Tabela 03), onde se observou associações significativas entre $Dg_{\text{-morfológica+AFLP}} \times Dg_{\text{-genealógica}}$ (0,427) e $Dg_{\text{-morfológica+AFLP}} \times Dg_{\text{-molecularAFLP}}$ (0,466), estes dados concordam em parte com os obtidos por Bertan et al. (2009), que observou associação significativa apenas entre $Dg_{\text{-morfológica+AFLP}} \times Dg_{\text{-molecularAFLP}}$ (0,65). A não associação entre as medidas de distância genealógica e morfológica+AFLP, observada por Bertan et al. (2009), possivelmente, seja devido ao menor número de informações de genealogia utilizadas por estes autores. Neste sentido, a dificuldade na obtenção de informações a respeito da genealogia de alguns genótipos pode implicar na dificuldade de estimar coeficientes de parentesco precisos; estes autores atrelam esta justificativa à não ocorrência de associação das duas distâncias em seus resultados, da mesma forma que Vieira et al. (2005) em aveia e Silva et al. (2007) em batata. Também em trigo, Barbosa Neto et al. (1996) ressaltaram baixa relação entre a distância genética baseada em marcadores moleculares e a distância genealógica. Quanto às demais associações (Tabela 13), ficou demonstrado que as mesmas possuem propriedades distintas em acessar e representar a variabilidade genética dos genótipos testados (BERTAN et al., 2009; VIEIRA et al., 2005; LORENCETTI et al., 2006).

Em relação a $Dg_{\text{-morfológica}}$, observa-se a formação de três grupos bem característicos, sendo o primeiro formado pelo genótipo mais dissimilar (BRS Figueira), o segundo grupo formado pelo genótipos BRS Guamirim e UTF 0605 e o

terceiro grupo formado pelos demais genótipos (Figura 1). Já, a $Dg_{\text{-molecularAFLP}}$ possibilitou a formação de cinco grupos (grupo 1 formado por BRS 208, BRS Guamirim, BRS Figueira, Abalone, BRS Timbaúva e Pampeano, e os grupos 2, 3, 4, 5 formados pelos genótipos Fundacep 50, UTF 0605, BRS Louro e CD 115, respectivamente, que formaram grupamentos individuais), grupamentos estes distintos em relação aos observados na $Dg_{\text{-morfológica}}$. Este fato é confirmado pela presença de correlação negativa (-0,339) entre as duas matrizes (Tabela 13).

A presença de correlação negativa observada entre as duas medidas de distância anteriormente citadas pode estar relacionada a ampla amostragem do genoma que os marcadores moleculares proporcionam, que é muito maior do que a analisada pelos cinco caracteres morfológicos (VIEIRA et al., 2005; BERTAN et al., 2009) e estas regiões amostradas não estiveram próximas aos genes que controlam as características morfológicas avaliadas. Além disso, estas variações detectadas por meio de marcadores moleculares são do tipo não adaptativa e, desta forma, não sofrem a influência que o ambiente exerce na manifestação destes caracteres. Outra explicação decorre do fato de que nem sempre dois fenótipos idênticos são determinados pelos mesmos genes, ou seja, genes distintos em muitos casos levam à manifestação similar do fenótipo (KUCZYNSKA et al., 2007). Entretanto, cabe resaltar, que Vieira et al. (2007), observaram correlação positiva (0,47) entre a distância estimada por meio de marcadores AFLP e a distância morfológica, demonstrando que a presença de associação pode estar relacionada ao conjunto de genótipos testados e ao ambiente em que os caracteres fenotípicos que foram avaliados.

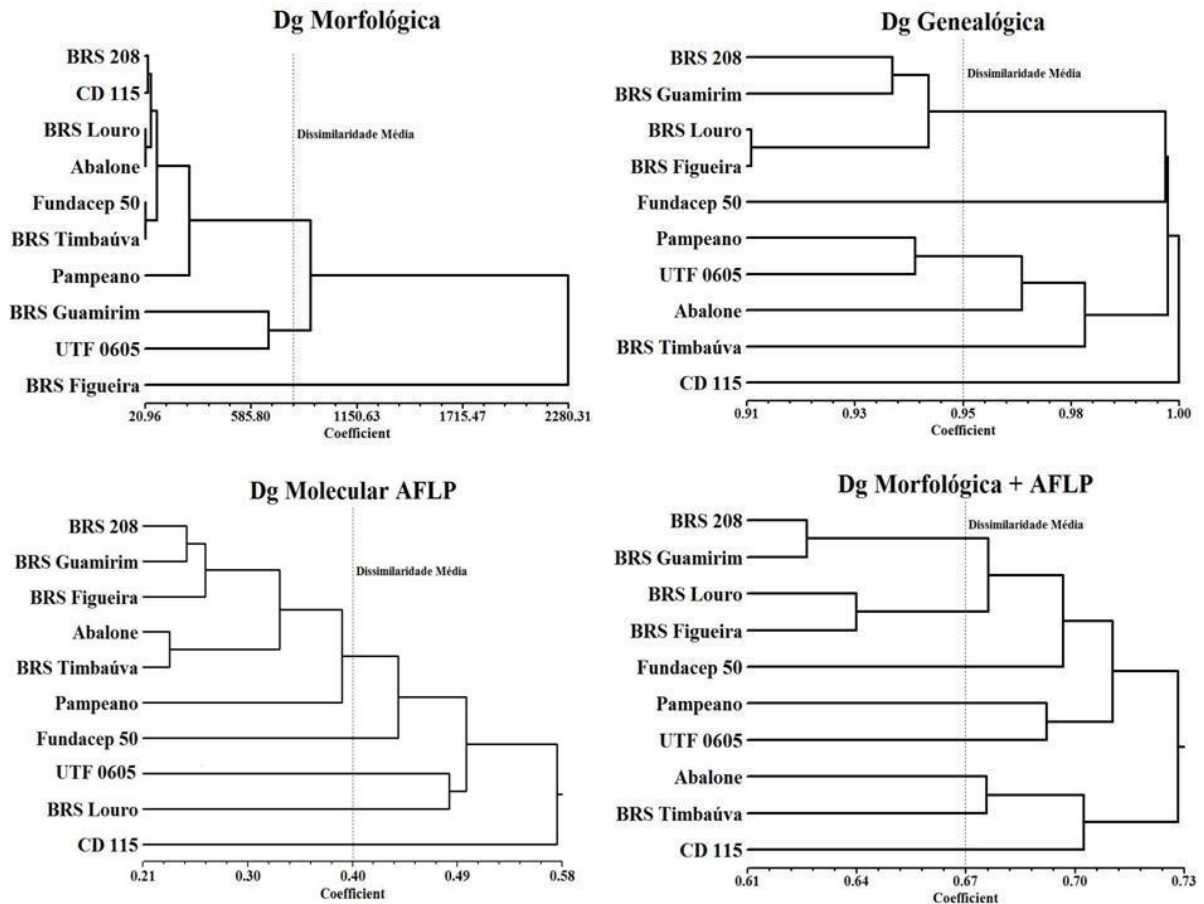


Figura 01. Dendrogramas resultantes da análise de agrupamento de dez genótipos de trigo obtido pelo método UPGMA utilizando como medida de distância genética: $Dg_{\text{morfológica}}$ = distância de Mahalanobis baseada em 05 caracteres morfológicos; $Dg_{\text{genealógica}}$ = utilizando o sistema de cálculo de Malécot (FERREIRA; ZAMBALDE, 1997); $Dg_{\text{molecularAFLP}}$ = polimorfismo de marcadores moleculares do tipo AFLP (182 locus polimórficos) e $Dg_{\text{morfológica + AFLP}}$ = baseado no complemento do índice de similaridade genética de Gower (1971). Os coeficientes de correlação cofenético foram de 0,89 - 0,98 - 0,88 e 0,61 para os quatro dendrogramas, respectivamente. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

A $Dg_{\text{morfológica+AFLP}}$ também possibilitou a formação de dois grupos, um formado pelos genótipos BRS 208 e BRS Guamirim e outro formado por BRS Louro e BRS Figueira, os demais genótipos não agruparam com nenhum outro (Figura 01). Tais agrupamentos são coincidentes com os formados através da distância $Dg_{\text{molecular AFLP}}$, fato que é confirmado pela associação significativa (0,466) entre ambas as matrizes (Tabela 08). Outros estudos confirmam que tais técnicas, empregadas individualmente, produzem resultados distintos em relação à análise conjunta (FRANCO et al., 2001; BRAMARDI et al., 2005). A presença de correlação negativa (-0,31) entre a $Dg_{\text{morfológica+AFLP}}$ e a $Dg_{\text{morfológica}}$, que não seria esperada, pode estar atrelada ao maior número de bandas polimórficas (182), em relação aos caracteres morfológicos (05).

Tabela 13. Correlações entre as medidas de distância genética estimada por meio de caracteres fenotípicos (Dg-morfológica), marcadores moleculares AFLP (Dg-molecular AFLP), conjunta de dados fenotípicos e marcadores moleculares AFLP (Dg-morfológica+AFLP) e distancia genealógica (Dg-genealógica), entre 10 genitores de um cruzamento dialélico de trigo. UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Correlações	Dg-genealógica	Dg-molecularAFLP	Dg-morfológica	Dg-morfológica+AFLP
Dg-genealógica	1	0,238	-0,244	0,427**
Dg-molecularAFLP		1	-0,339*	0,466**
Dg-morfológica			1	-0,316*
Dg-morfológica+AFLP				1

** , * Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

O dendrograma resultante das distâncias genealógicas proporcionou a divisão dos genótipos em dois grupos, sendo que o genótipo CD 115 não apresentou nenhum grau de parentesco com os demais (Figura 01: Dg-genealógico), ou seja, coeficiente de dissimilaridade igual a 1, fato que é justificado por não existirem relações comuns de parentesco entre estes genótipos. Também, Fundacep 50, agrupou isoladamente. Os demais genótipos apresentaram pelo menos uma relação entre suas genealogias, quer seja de forma direta ou ancestrais (Tabela 11).

A presença de associação positiva entre a distância genealógica e a CEC, observada para os caracteres $NG.E^{-1}$, MCG e $PG.P^{-1}$ na geração F_1 e MCG e $PG.P^{-1}$ na geração F_2 , possibilita inferir que a medida que aumentaram as CEC, proporcionalmente, com magnitude média a alta, também aumentaram as distâncias genealógicas verificadas entre os genitores (Tabela 14). O sucesso do estabelecimento do dendrograma destas relações foi condicionado a significativa quantidade de informações a respeito da genealogia dos progenitores empregados nos cruzamentos (Tabela 11), o que proporcionou o estabelecimento de distâncias genealógicas mais precisas. Possivelmente, como citado anteriormente, o fato de outros estudos não terem estabelecido o mesmo grau de associação, esteja relacionado a menor quantidade de informações de genealogias, que muitas vezes não estão disponíveis para serem utilizadas, sendo esta a grande dificuldade para a obtenção de estimativas de distância mais representativas da variabilidade genética disponível.

Resultados semelhantes foram obtidos por Martin et al. (1995) que observou a existência de uma relação entre a Dg-genealógica com a heterose de híbridos de trigo para massa de grãos e conteúdo de proteína. Da mesma forma,

Perenzin et al. (1998), encontraram efeitos significativos de distâncias genealógicas com CEC para características relacionadas à produtividade de grãos em híbridos F_1 de trigo pão. Em contrapartida, existem resultados na literatura onde o coeficiente de parentesco não demonstra eficiência em prever a capacidade combinatória dos genitores envolvidos nos cruzamentos (ALMANZAPINZÓN et al., 2003; DREISIGACKER et al., 2005). O emprego da Dg-molecularAFLP revelou associação positiva com CEC dos híbridos apenas para MCG. Estes resultados foram observados apenas na geração F_1 (0,42).

No entanto, vale ressaltar que apesar destas associações terem sido estatisticamente significativas (teste t), a reduzida magnitude revela cautela na sua aplicação em nível prático. Para que uma estimativa de distância genética realmente represente confiabilidade para utilização em grande escala pelos melhoristas são necessárias associações superiores a 60% (CARVALHO et al., 2004). A não associação da Dg-molecularAFLP com os demais caracteres confirma que, apesar dos marcadores AFLP terem acessado o conteúdo genômico dos genótipos avaliados (elevado polimorfismo), este ocorreu de maneira aleatória, abrangendo tanto regiões funcionais quanto as não funcionais e que estas não estão associadas a regiões responsáveis pelo controle genético dos caracteres agronômicos avaliados no presente estudo.

As Dg-morfológica e Dg-morfológica+AFLP não apresentaram associação significativa com os caracteres agronômicos avaliados, tanto na geração F_1 , quanto na geração F_2 . A ausência de correlação entre a Dg-morfológica e a CEC pode estar relacionada a presença de genes complementares entre determinados genitores ou, pela parcial e insuficiente representação do genoma quando são usados dados morfológicos (SOUZA & SORRELLS, 1991). Segundo Ghaderi et al. (1984), a ausência de correlação pode estar relacionada aos efeitos gênicos aditivos dos caracteres e/ou a genes similares distribuídos entre os genitores envolvidos nos cruzamentos, tornando a expressão da capacidade específica de combinação imprevisível e ao acaso.

Tabela 14. Coeficientes de correlação entre a distância genética, medida através de caracteres morfológicos ($Dg_{\text{-morfológica}}$), marcadores moleculares AFLP ($Dg_{\text{-molecularAFLP}}$), conjunta de dados fenotípicos e marcadores moleculares AFLP ($Dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$) e distancia genealógica ($Dg_{\text{-genealógica}}$), com a capacidades específica de combinação de cinco caracteres (EP, $NE.P^{-1}$, $NG.E^{-1}$, MCG e $PG.P^{-1}$) em um cruzamento dialélico envolvendo dez genitores de trigo (*Triticum aestivum* L.). UTFPR, Campus Pato Branco, 2010.

Correlações	Capacidade Especifica de Combinação (CEC)									
	F_1					F_2				
	EP	$NE.P^{-1}$	$NG.E^{-1}$	MCG	$PG.P^{-1}$	EP	$NE.P^{-1}$	$NG.E^{-1}$	MCG	$PG.P^{-1}$
$Dg_{\text{-morfológica}}$	0,05	-0,23	-0,17	-0,37	-0,21	0,10	0,37	-0,36	-0,35	-0,33
$Dg_{\text{-genealógica}}$	0,33	0,35	0,45*	0,67**	0,62**	0,30	-0,0	0,23	0,62**	0,59**
$Dg_{\text{-molecularAFLP}}$	0,12	0,14	-0,29	0,42*	0,01	0,07	0,19	-0,17	0,35	-0,10
$Dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$	0,01	0,15	0,16	0,36	0,12	-0,04	-0,36	0,05	0,38	0,14

** , * são valores significativos a 1% de probabilidade e a 5% respectivamente, pelo teste t para GL – 2.

A não associação da $Dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$ com o desempenho dos híbridos parece não representar uma boa estratégia quando o objetivo for acessar as diferenças genéticas entre genitores, que maximizem a heterose do F_1 e a presença de variabilidade genética nas gereções seguintes. Esta observação parece estar mais relacionada à quantidade de marcadores utilizados em cada técnica, acarretando em elevada participação dos marcadores moleculares AFLP na variabilidade genética empregada no estudo simultâneo das distâncias.

Análises de correlação entre medidas de distância e capacidades de combinação têm sido relatadas na literatura para diversas espécies, contudo, os resultados não são concordantes, havendo relatos de que a correlação entre esses parâmetros variou de baixa a alta (DIAS & KAGEYAMA, 1997; FERREIRA et al., 1993, FUZZATO et al., 2002; LOISELLE et al., 1991, SILVA et al., 2007). Liu et al. (1999), afirmaram que os efeitos da heterose em progênies de trigo não pode ser prevista exclusivamente com base na dissimilaridade genética aferida por estes tipo de marcadores. Da mesma forma, Martin et al. (1995) e Kotzamanidis et al. (2008), sugeriram que a utilização de marcadores moleculares, que acessam o genoma como um todo, de maneira aleatória, apresenta utilidade limitada, quando utilizado de forma isolada, para o desenvolvimento de uma metodologia na escolha dos genitores. Entretanto, El-maghraby et al. (2005), sugerem que marcadores selecionados por apresentarem associação com caracteres específicos, podem ser de maior utilidade em estimar a dissimilaridade genética entre genitores, a qual deverá ser mais significativamente associada ao desempenho dos híbridos.

4.4 REFERÊNCIAS

ALMANZA-PINZÓN, M.I.; KHAIRALLAH, M.; FOX, P.N.; WARBURTON, M.L. Comparison of molecular markers and coefficients of parentage for the analysis of genetic diversity among spring bread wheat accessions. **Euphytica**, Dordrech, v.130, n.1, p.77-86, 2003.

ARAUJO, A. M. ; DUCA, L. ; GOMES, E. P. Natural selection on bulk hybrid crosses. **Annual Wheat Newsletter**, v.38, p.68-69, 1992.

BARBOSA-NETO, J.F.; SORRELLS, M.E.; CISAR, G. Prediction of heterosis in wheat using coefficient of parentage and RFLP based estimates of genetic relationship. **Genome**, v.39, p.1142–1149, 1996.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; MARCHIORO, V.S.; VIEIRA, E.A.; BERTAN, I.; VALÉRIO, I.P.; MARCHESE, J.A; MATEI, G. Morphological and AFLP markers for describing genetic relationships among white-oat genotypes. **Bragantia** [online]. 2008, vol.67, n.3, pp. 563-568.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A. AND VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.**, Brasília, v.44, n.2, p.155-163, 2009.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. de. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v.10, p.211-222, 2007.

BHERING, S. B.; SANTOS, H. G. dos; BOGNOLA, I. A.; CÚRCIO, G. R.; MANZATTO, C. V.; CARVALHO JUNIOR, W. de; CHAGAS, C. da S.; ÁGLIO, M. L. D. & SOUZA, J. S. de. **Mapa de solos do Estado do Paraná: legenda atualizada**. Rio de Janeiro : EMBRAPA/IAPAR. 74p, 2008.

BRAMARDI, S.J.; BERNET, G.P.; ASÍNS, M.J.; CARBONELL, E.A. Simultaneous agronomic and molecular characterization of genotypes via the generalized cluster analysis: An application to cucumber. **Crop Science**, v. 45, p.1603-1609, 2005.

BUSSAB, W.O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: IME/USP, 105p. 1990.

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

CHAUDHRY, B. I. ; BOUSMINA, M. ; BRETAS, R. E. S. ; GUENETTE, R. . Simulation of polymer blend morphology development under high deformation flows. In: **17th Conference of Polymer Processing Society, 2001**, Montreal. pp17 - Montreal, 2001.

COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. **Informações técnicas da Comissão sul Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale para a safra 2006**. Passo Fundo: Embrapa- CNPT, 2006.159p.

CORBELLINI, M.; PERENZIN, M.; ACCERBI, M.; VACCINO, P. & BORGHI, B. Genetic diversity in bread wheat, as revealed by coefficient of parentage and molecular markers, and its relationship to hybrid performance. **Euphytica**. Dordrech, vol. 123, n^o2, pp. 273-285, 2002.

COX, T.S.; MURPHY, J.P. The effect of parental divergence on F₂ heterosis in winter wheat crosses. **Theoretical and Applied Genetics**. 79:241–250, 1990.

CRESTE, S.; TULMANN-NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p.299-306, 2001.

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

DIAS, L.A.; PICOLI, E.A.; ROCHA, R.B.; ALFENAS, A.C. A priori choice of hybrid parents in plants. **Genetics and Molecular Research**, v. 3, n. 3, p. 356-368, 2004.

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobromacacao* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p.63-70, 1997.

DIAS, L.A.S.; MARITA, J.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G. and SALOMÃO, T.M.F. Genetic distance and its association with heterosis in cacao. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 46, p. 339-347, 2003.

DICE, L.R. Measures of the amount of ecologic association between species. **Ecology**, n.26, p.297-302, 1945.

DREISIGACKER, S.; MELCHINGER, A.E.; ZHANG, P.; AMMAR, K.; FLACHENECKER, C.; HOISINGTON, D.; WARBURTON, M.L. Hybrid performance and heterosis in spring bread wheat, and their relations to SSR-based genetic distances and coefficients of parentage **Euphytica**, Dordrech, v.144, n.1, p.51–59, 2005.

EVERITT, B.S. **Cluster analysis**. Cambridge, University Press, 170p. 1993.

EL-MAGHRABY, M.A.; MOUSSA, M.E.; HANA, N.S.; AGRAMA, H.A. Combining ability under drought stress relative to SSR diversity in common wheat. **Euphytica**, v.141, p.301–308, 2005.

FERREIRA, D. F.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P. An adaptation of Griffing's method IV of a complete diallel cross analysis for experiments repeated in several environments. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.16, n.2, p.357-366, 1993.

FERREIRA, D.F.; ZAMBALDE, A.L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgen e softwares correlatos. In: CONGRESSO DA SBI-AGRO WORKSHOP SUPPLY CHAIN MANAGEMENT IN AGRIBUSINESS, 1., Belo Horizonte. **Anais**. Belo Horizonte: Agrosaft/ CTSOFT/ SBI-AGRO, p.215-291,1997.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; RIBAUT, J.M.; BETRAN, J.; WARBURTON, M.L.; KHAIRALLAH, M. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, p.944-952, 2001.

FUZZATO, S. R. et al. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência Agrotecnica**, Lavras, v.26, n.1, p.22-32, 2002.

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, v.24, n.1, p.37-42, 1984.

GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v.27, p.857-874, 1971.

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

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

KAMALUDDIN, RISHI M., SINGH, LAL C. P., MALIK Z., JOSHI A.K. Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). **Genetics and Molecular Biology**, 30, 2, 411-416, 2007.

KOTZAMANIDIS, S.T.; LITHOURGIDIS, A.S.; MAVROMATIS, A.G.; CHASIOTI, D.I.; ROUPAKIAS, D.G. Prediction criteria of promising F₃ populations in durumwheat: A comparative study. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.107, p.257-264, 2008.

KRYSTKOWIAK, K. T. ADAMSKI; M. SURMA; Z. KACZMAREK. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Euphytica**, Dordrech, 165:419–434. 2009

KUCZYN´SKA, A.; SURMA, M.; KACZMAREK, Z.; ADAMSKI, T. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the frequency of transgression effects in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Plant Breeding Journal**, 126:361–368, 2007.

LIU, H., SU, Y.C., BECKER, E., TREISMAN, J., SKOLNIK, E.Y. A Drosophila TNF-receptor-associated factor (TRAF) binds the Ste20 kinase Misshapen and activates Jun kinase. **Current Biology**. 9(2): 101--104., 1999.

LOISELLE, F.; TAI, G. C. C.; CHRISTIE, B. R. Pedigree, agronomic and molecular divergence of parents in relation to progeny performance in potato. **Potato Research**, Wageningen, v. 34, p. 305-316, 1991.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; VIEIRA, E.A. Distância genética e sua associação com heterose e desempenho dos híbridos em aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 591-598, 2006.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v.27, p.209-220, 1967.

MÁRIC, S.; BOLARÍC, S.; MARTINCIC, J.; PEJÍC, I.; KOZUMPLINK, V. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. **Plant Breeding**, v.123, p.366-369, 2004.

MARTIN, J.M.; TALBERT, L.E.; LANNING, S.P.; BLAKE, N.K. Hybrid performance in wheat as related to parental diversity. **Crop Science**, 35:104–108, 1995.

MOURA, W. M.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação a eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.

PERENZIN, M.; CORBELLINI, M.; ACCERBI, M.; VACCINO, P.; BORGHI, B. Bread wheat: F1 hybrid performance and parental diversity estimates using molecular markers. **Euphytica**, Dordrech. 100:273–279, 1998.

PILLAR, V.P. Multivariate exploratory analysis and randomization testing using Multiv. **Colnoses**, v.12, p.145-148, 1997.

ROHLF, F.J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 83p.

SAS INSTITUTE. **Getting started with the SAS learning edition**. Cary: SAS Institute, 2002.

SHARMA, S.N., R.S. SAIN AND R.K. SHARMA. Genetics of spike length in durum wheat. **Euphytica**, 130 (2): 155-161, 2003.

SCHEEREN, P. L.; CARVALHO, F. I. F.; FEDERIZZI, L. C. Análise da capacidade combinatória de seis caracteres adaptativos em trigo (*Triticum aestivum* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, BRASÍLIA, v. 30, n. 6, p. 831-846, 1995.

SHEIKH, S.; SINGH, I.; SINGH, J. Inheritance of some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.). **Annual Agricultural Research**, v.21, p.51-54, 2000.

SILVA, G. O. ; PEREIRA, A.S.; SOUZA, V.; CARVALHO, F.I.F.; NEY, V. Influência da distância entre genitores de batata nas estimativas de capacidades de combinação em gerações iniciais de seleção. **Magistra**, v. 19, p. 177-264, 2007.

SINGH H., SHARMA S.N., SAIN, R.S. Combining ability for some quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell). **Agricultural Research Station**, Durgapura-302 018, Jaipur, India. 2004.

SMITH, J.M. **Evolutionary genetics**. Oxford: Oxford University Press, 328 p. 1999.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, p.30-40, 1962.

SOOD, S., KALIA,N. R., BHATERIA,S., PATHANIA, A., KUMAR, S. Inheritance of flower and seed colour in flax (*Linum usitatissimum* L.) **Department of Plant Breeding & Genetics**, CSK HPKV, Palampur-176 062, India, 2007.

SOUZA, E.; SORRELLS, M.E. Relationships among 70 North American oat germplasms. II. Cluster analysis using qualitative characters. **Crop Science**, v.31, p.605-612, 1991.

SOUSA, C.N.A. Survey on hybrid necrosis in Brazilian wheat cultivars. **Annual Wheat Newsletter**, v. 45, p. 51-69, 1998.

VIEIRA, E.A. ; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; SILVA, J.A.G.; MARTINS, A.F.; BERTAN, I.; SILVA, G.O.; SCHIMIDT, D.A.M. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia (*Avena sativa*) em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia** (São Paulo), Campinas, v. 64, n. 1, p. 51-60, 2005.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; BERTAN, I.; KOOP, M.M.; ZIMMER, P.D.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A.C. Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and

morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.392-399, 2007.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; LEE, T. van de; HORNES, M.; FRITERS, A.; POT, J.; PALEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, v.23, p.4407-4414, 1995.

HASNAIN Z., ABBAS G., SAEED A., SHAKEEL A., MUHAMMAD A., RAHIM M.A. combining ability for plant height and yield related traits in wheat, triticum aestivum l. **Journal Agriculture Research**, 2006.

TOPAL A., AYDIN C., AKGÜN N., BABAĞLU M. Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. **Field Crops Research**, Volume 87, Issue 1, 15 April 2004.

YANG, Y. H.; DUDOIT, S.; LUU, P.; LIN, D. M.; PENG, V.; NGAI, J.; SPEED, T. P.; Normalization for cDNA microarray data: a robust composite method addressing single and multiple slide systematic variation. **Nucleic Acids Research**, Vol. 30, No. 4 e15, Oxford University 2002.

SCHEEREN, P. L. ; SOUSA, C. N. A. ; DUCA, L. J. A. ; SILVA, S. D. A. E. ; GOMES, E. P. ; SARTORI, J. F. ; LINHARES, W. I. ; MOREIRA, J.C.S.; SALVADORI, J. R.; MEDEIROS, M. C. ; SOARES SOBRINHO, J.; FERNANDES, M. I. B. M. ; STAUDT, L. A. ; CAETANO, V.R. . Development of wheat germoplasm through the backcross method. **Annual Wheat Newsletter**, Colorado state university, v. 38, p. 65-67, 1992.

5 DISCUSSÃO GERAL

A escolha dos parentais na formação das populações segregantes é a etapa crucial para obtenção de êxito em programas de melhoramento modernos (BENIN et al., 2009). Neste contexto, o comportamento dos genótipos envolvidos em cruzamentos artificiais, seus híbridos F₁ e gerações subseqüentes, é digno de investigações, por predizer as potencialidades e fornecer estimativas de parâmetros genéticos essenciais no direcionamento de hibridações e seleção de constituições genéticas superiores em programas de melhoramento (VALERIO et al., 2009).

Recentemente, diversos autores tem comprovado a importância da análise dialélica para a detecção de genótipos com elevada CGC, que possibilitaram maximizar a expressão dos caracteres de interesse relacionados ao rendimento de grãos (VIEIRA et al., 2007; BENIN et al., 2009), e também buscando associar estes resultados à diversidade genética entre os parentais envolvidos nas hibridações (LORENCETTI et al., 2004; BERTAN et al., 2009).

Com base nas constituições genéticas avaliadas no presente estudo, pôde ser constatado que a CGC expressou maior importância na determinação de todos os componentes avaliados. Este fato está relacionado a grande contribuição dos efeitos gênicos aditivos para os caracteres estudados, que tende a permanecerem com maior frequência após os efeitos de endogamia. Estes resultados estão de acordo com os obtidos Joshi et al., (2004) onde os efeitos aditivos também foram predominantes. Na literatura também pode ser verificado efeitos de ações gênicas não aditivas em casos onde não se trabalhou com constituições genéticas heterogêneas (CHOWDHRY, 2001), ou então a presença de ambos, aditivos e não aditivos (HASNAIN et al., 2006).

Neste contexto, os genitores FUNDACEP 50, Pampeano, BRS 208 e Abalone foram os que apresentaram os maiores valores de CGC para rendimento de grãos, evidenciando o potencial destes genótipos para utilização em cruzamentos a fim de promover progênies superiores. Segundo Vieira et al., (2007) valores elevados desta estimativa geralmente são expressas por genótipos com a maior frequência de alelos favoráveis.

Os efeitos da heterose nos cruzamentos avaliados revelaram que para alguns caracteres o vigor híbrido esteve presente em níveis expressivos e que houve combinações com maior potencial para cada caractere estudado. Contudo, a

máxima expressão heterótica em F_1 , na maioria dos cruzamentos, esteve acompanhada de grande redução de vigor na geração F_2 . Estes dados estão de acordo com os encontrados por Joshi et al., (2003) e por Nazeer et al., (2004).

Por outro lado há combinações onde a perda de vigor para o caractere produção de grãos por planta não foi tão acentuada, mesmo com valores elevados de heterose, o que pode ser observado para as combinações entre os genótipos BRS Guamirim x BRS 208, UTF 0605 x BRS Timbaúva, BRS 208 x Abalone, CD 115 x Abalone e BRS Timbaúva x Abalone. Esta informação reforça a teoria que a máxima heterose, quando verificada em espécies autógamas, pode proporcionar aumento do número de classes segregantes passíveis de seleção, pelo fato da base genética da heterose estar fundamentada no maior número de alelos dominantes que estão distribuídos nos genitores envolvidos nos cruzamentos. Isto evidencia vantagens para os melhoristas, pois, priorizando-se populações heteróticas, é possível aumentar a probabilidade de identificar indivíduos pertencentes a classes fenotípicas superiores, que poderão resultar em linhagens de alto valor genético.

A viabilidade da análise dialélica para quantificação das capacidades de combinação e efeitos heteróticos em autógamas está limitada ao número de genitores a serem testados, uma vez que quando se eleva muito o número de parentais a obtenção de populações híbridas experimentais pode ser impraticável, e o trabalho inviabilizado. Neste sentido, todo o conhecimento que possa contribuir para facilitar a obtenção de populações promissoras e a identificação de indivíduos com maior frequência de alelos favoráveis, sem a utilização desta técnica, é de suma importância. Neste contexto a utilização da dissimilaridade genética entre genótipos tem sido apontada como alternativa aos cruzamentos dialélicos (DREISIGACKER et al., 2005; VIEIRA et al., 2005; BERTAN et al., 2009; KRYSTKOWIAK et al., 2009).

A associação entre as medidas de distância genética (estimadas com base em dados morfológicos, marcadores moleculares AFLP, simultânea de ambas as técnicas), com desempenho dos híbridos, promoveram associações moderadas a baixas com o desempenho de híbridos de trigo nas diferentes gerações avaliadas.

A não associação entre distância molecular e o desempenho dos híbridos pode estar relacionada aos seguintes fatos: os genótipos avaliados apresentam baixa dissimilaridade genética pela pressão de seleção exercida no mesmo sentido; e/ou pela falta de ligação entre genes e os marcadores usados para

estimar a distância genética, e/ou as regiões cromossômicas acessadas pelos marcadores têm diferenças nas suas contribuições para performance e heterose do F_1 (KWON et al., 2002).

As estimativas das correlações entre as matrizes de dissimilaridade permitiram observar a concordância existente entre as matrizes de $dg_{\text{-molecular AFLP}}$ e $dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$ (0,466) e entre $dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$, $dg_{\text{-genealógica}}$ (0,427). A primeira parece estar mais relacionada ao maior número de dados moleculares (182) em relação aos morfológicos (5) e, a segunda, a significativa quantidade de informações de dados genealógicos obtidas. Bertan et al., (2009), avaliando seis genitores de trigo, justificou a falta de associação entre a $dg_{\text{-molecular AFLP}}$ e a $dg_{\text{-genealógica}}$ à dificuldade de obtenção de informações de genealogia.

A distância genealógica foi positivamente associada com os caracteres massa de 100 grãos e massa de grãos por planta nas gerações F_1 (0,67 e 0,62, respectivamente) e F_2 (0,62 e 0,59, respectivamente), o que lhe conferiu moderada confiabilidade em substituir os cruzamentos dialélicos na escolha dos genitores. Resultados semelhantes foram obtidos por Martin et al., (1995) e Perenzin et al., (1998), que observaram associações entre este tipo de distância e o desempenho de híbridos de trigo para massa de grãos e produtividade de grãos em híbridos F_1 , respectivamente.

Em contrapartida, as medidas de $dg_{\text{-molecular AFLP}}$, $dg_{\text{-morfológica}}$ e combinada ($dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$), não foram associadas com o desempenho dos híbridos, em ambas as gerações avaliadas, exceto a $dg_{\text{-molecular AFLP}}$ que foi associada com a massa de 100 grãos (0,42). Em relação a $dg_{\text{-morfológica}}$ este fato pode estar relacionado ao reduzido número de marcadores utilizados (5), já em relação as distâncias $dg_{\text{-molecular AFLP}}$ e a $dg_{\text{-morfológica+AFLP}}$ é sugerido que marcadores selecionados por apresentar associação com caracteres específicos, ao invés de marcadores acessando o genoma como um todo e de maneira aleatória, podem ter maior eficiência em estimar a variabilidade genética entre genitores, e que está realmente represente o desempenho fenotípico dos híbridos (LIU et al., 2007). Desta forma, sua utilização deve ser mais bem estudada, através de um maior número de espécies envolvendo outros tipos de marcadores moleculares.

REFERÊNCIAS

BARBOSA-NETO J.F., SORELLS M.E., CISAR G. Prediction of heterosis in wheat using coefficient of parentage and RFLPbased estimates of genetic relationship. **Genome** 39:1142– 1149, 1996.

BENIN, G. SILVA, G.O., PAGLIOSA, E.P. LEMES C., SIGNORINI A., BECHE E., CAPELIN, M.A. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.9, p.1145-1151, 2009.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; MARCHIORO, V.S.; VIEIRA, E.A.; BERTAN, I.; VALÉRIO I.P.; MARCHESE, J.A.; MATEI, G. Morphological and aflp markers for describing genetic Relationships among white-oat genotypes. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A. AND VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.2, p.155-163, 2009.

BERTAN, I.; MAIA, L.C.; SCHIMIDT, D.A.M.; FINATTO, T.; VALÉRIO, I.P. Distância morfológica entre genótipos de trigo com ausência e presença do caráter “stay-green” **Ciência Rural** vol.37. Santa Maria, 2007.

CHAUDHRY, B. I.; BOUSMINA, M.; BRETAS, R. E. S.; GUENETTE, R. . Simulation of polymer blend morphology development under high deformation flows. In: 17th **Conference of Polymer Processing Society**, 2001, Montreal. PP17 - Montreal, 2001.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390p.

CRUMPACKER, D.W. e ALLARD R. A diallel cross analysis of heading date in wheat. **Hilgardia**, 32: 275-318, 1962.

DREISIGACKER, S.; MELCHINGER, A.E.; ZHANG, P.; AMMAR, K.; FLACHENECKER, C.; HOISINGTON, D.; WARBURTON, M.L. Hybrid performance and heterosis in spring bread wheat, and their relations to SSR-based genetic distances and coefficients of parentage **Euphytica**, Dordrech, v.144, n.1, p.51–59, 2005.

GANDIN, C.L. **Análise dos efeitos de populações segregantes e da capacidade combinatória de diferentes genótipos sobre os principais caracteres de importância em trigo.**135F. Dissertação de Mestrado, UFRGS, Porto Alegre. 1982.

HASNAIN Z., ABBAS G., SAEED A., SHAKEEL A., MUHAMMAD A., RAHIM M.A. combining ability for plant height and yield related traits in wheat, *triticum aestivum* L. **Journal Agriculture Research.**, 2006.

JOSHI, S. K.; SHARMA, S. N.; SINGHANIA, D. L.; SAIN, R. S. Combining ability in the F₁ and F₂ generations of diallel cross in hexaploid wheat (*triticum aestivum* L. em. Thell). **Heredity**, New York, v. 141, n. 2, p. 115-121, 2004.

JOSHI S. K, SHARMA S. N., SINGHANIA D. L., SAIN R. S. Hybrid vigor over environments in a ten-parent diallel cross in common wheat. **Journal of Breeding and Genetics** 35 (2) 81-91, 2003.

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

LIU, J.; LIU, L.; HOU, N.; ZHANG, A; LIU, C. Genetic diversity of wheat gene pool of recurrent selection assessed by microsatellite markers and morphological traits. **Euphytica**, Dordrech, v.155, p.249-258, 2007.

KRYSTKOWIAK, K. T. ADAMSKI; M. SURMA; Z. KACZMAREK. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Euphytica**, Dordrech, 165:419–434. 2009.

MARTIN, J.M.; TALBERT, L.E.; LANNING, S.P.; BLAKE, N.K. Hybrid performance in wheat as related to parental diversity. **Crop Science** 35:104–108, 1995.

NAZEER A.W., HASSAN M.S., AKRAM Z. Genetic architecture of some agronomic traits in diallel cross of bread wheat. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, 2004.

PERENZIN, M.; CORBELLINI, M.; ACCERBI, M.; VACCINO, P.; BORGHI, B. Bread wheat: F₁ hybrid performance and parental diversity estimates using molecular markers. **Euphytica**, Dordrech, 100:273–279, 1998.

PICKETT, A.A. Hybrid wheat: results and problems. *Advance Plant Breeding*, **Supple Journal Plant Breeding**, v.15, p. 1-259 1993.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. ZIMMERMANN, M.J. de P. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia : Editora da UFG, 1993.271p.

VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; LORENCETTI, C.; SOUZA, V.Q.; SILVA, J.A.G.; HARWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M.; BERTAN, I.; RIBEIRO, G. Estabilidade da produção e da capacidade de combinação de diferentes populações de aveia. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 2, p. 331-346, 2009.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; BERTAN, I. et al. Association between genetic distances in wheat (*triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**. Ribeirão Preto, v.30,n.2, p.392-399,2007.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; MARTINS, L.F.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; KOPP, M.M.; HARTWIG, I.; CARVALHO, M.F.; VALÉRIO, I.P. associação da distância genética em trigo estimada a partir de caracteres morfológicos, caracteres fenológicos e dos componentes do rendimento de grãos. **Revista Brasileira. Agrocência**, Pelotas, v. 13, n. 2, p. 161-168 , 2007.

VIEIRA, E.A. ; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; SILVA, J.A.G.; MARTINS, A.F.; BERTAN, I.; SILVA, G.O.; SCHIMIDT, D.A.M. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia (*Avena sativa*) em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia** (São Paulo), Campinas, v. 64, n. 1, p. 51-60, 2005.